

Die Stadien der Schimmelbildung sowie die Bakterien- und Pilzdiversität auf Reetdächern.

Abschlussbericht

27. Juni 2025, 's-Hertogenbosch | Unser Zeichen: BO-25000123

Im Auftrag der: Rietdekkersgilde



HAS Green Academy
Onderwijsboulevard 221
PO Box 90108
5200 MA 's-Hertogenbosch,
Niederlande
Telefon: +31 (0)88 890 36 00

Dokumenttitel: Studie zu den Stadien der Schimmelbildung sowie die Bakterien- und Pilzdiversität auf Reetdächern.

Projekt: BO-25000123

Auftraggeber: Rietdekkersgilde: Jan Beenhakker & Corné Daemen

Ansprechpartner: Jan Beenhakker

Projektleiter Inhalt: Arjan Borghuis

Inhaltlicher Experte: Bruce Schoelitsz

Projektteam: Michiel van Boven
Ike van der Haring
Inge de Kloe

Ort: 's-Hertogenbosch

Datum: 27. Juni 2025

Vorwort

Vor Ihnen liegt der Abschlussbericht zur Studie „Die Stadien der Schimmelbildung sowie die Bakterien- und Pilzdiversität auf Reetdächern.“ Diese Studie wurde im Rahmen der Abschlussarbeit im Studiengang „Angewandte Biologie“ an der HAS Green Academy in 's-Hertogenbosch durchgeführt. Die Abschlussarbeit bildet den finalen Bestandteil des Studiums. Wir haben die Studie zwischen Februar bis Juli 2025 durchgeführt und die vorliegende Abschlussarbeit erstellt.

Während dieses Projekts haben wir verschiedene mikro- und molekularbiologische Techniken wie das Züchten von Schimmelpilzen und Bakterien, DNA-Isolierung, PCR, Barcoding und Metabarcoding angewendet. Bei dieser Abschlussarbeit haben wir nicht unser fachliches Wissen vertieft und unsere Fähigkeiten verbessert, sondern die Arbeit hat auch zu unserer Entwicklung als Wissenschaftler beigetragen.

Wir bedanken uns bei unseren Betreuern Arjan Borghuis und Bruce Schoelitz für ihr Feedback und ihre Unterstützung. Wir danken auch den Teams im Microlab und im Chemielab für die Unterstützung bei der praktischen Arbeit. Unserer besonderer Dank gilt René de Kloe für sein Engagement und die Erstellung beeindruckender REM-Aufnahmen, die einen unverzichtbaren Beitrag zu dieser Studie geleistet haben. Abschließend möchten wir unseren Familien und Freunden für ihre kontinuierliche Unterstützung und Ermutigung während der gesamten Abschlussarbeit danken.

Wir wünschen Ihnen viel Freude beim Lesen.

Michiel van Boven, Ike van der Haring, Inge de Kloe
's-Hertogenbosch, 27. Juni 2025

Zusammenfassung

Reetdächer altern schneller als noch vor einigen Jahrzehnten, vermutlich durch den Einfluss von Schimmelpilzen. In dieser Studie haben wir untersucht, welche Schimmelpilze daran beteiligt sind und ob eine Aufeinanderfolge verschiedener Arten im Zersetzungsprozess vorliegt.

Wir haben Proben von elf Dächern mit unterschiedlichen Dachkonstruktionen entnommen. Dabei handelt es sich um Proben aus sowohl geschädigten als auch ungeschädigten Bereichen. Die Proben wurden optisch und mikroskopisch analysiert und die strukturelle Integrität des Reets wurde getestet. Schimmelpilze und Bakterien wurden auf Nährboden kultiviert, gereinigt und in Kategorien eingeteilt. Für jede Schimmelpilzkategorie wurden Reinkulturen identifiziert. Die identifizierten Schimmelpilze wurden mikroskopisch untersucht und auf Enzymplatten aufgebracht, um ihre Abbaukapazitäten darzustellen.

Auf den Reetproben wurden viele verschiedene Schimmelpilze gefunden. Ein Teil davon waren Weißfäulepilze, die in der Lage sind, Lignin, Cellulose und Hemicellulose abzubauen. Die Zusammensetzung der Schimmelpilze war je nach Ort auf dem Dach unterschiedlich. In den befallenen Bereichen wurden gelb/orangefarbener Flaum und Fruchtkörper gefunden. Das Reet war in diesen Bereichen schwächer als in ungeschädigten Bereichen des Dachs. Neben Weißfäulepilzen wurden auch Braunfäulepilze gefunden.

Drei ligninabbauende Schimmelpilze, *Didymella cf. prosopidis*, *Pestalotiopsis* sp. und *Aspergillus* spp., spielen möglicherweise eine Rolle beim primären Befall. Der Unterschied in der Zusammensetzung der Schimmelpilzarten pro Bereich auf dem Dach zeigt eine Sukzession der das Reet schädigenden Schimmelpilze. Neben den zuvor genannten Arten wurden an den befallenen Bereichen auch Fruchtkörper eines Weißfäulepilzes der Gattung *Fuscoporia contigua* gefunden. Braunfäulepilze sind vermutlich erst später im Befallprozess schädlich für das Reet. Alle gefundenen Schimmelpilzgattungen kommen natürlicherweise in den Niederlanden vor und können auf natürlichem Wege auf das Reetdach gelangt sein, sowohl mit frischem Reet als auch über die Luft.

Inhaltsangabe

1. Introductie	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
2. Materiaal en methode	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
2.1. Bemonstering van rieten daken	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
2.2. Zichtbare, microscopische en structurele kenmerken van aantasting ..	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
2.3. Identificatie van schimmelsoorten	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
2.4. Identificatie van bacteriesoorten	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
2.5. Data-analyse.....	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3. Resultaten	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.1. Zichtbare kenmerken van aantasting.....	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.2. Microscopische kenmerken van aantasting	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.3. Structurele integriteit van riet	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.4. Aantal schimmel- en bacteriemorfologieën op voedingsbodems	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.5. Samenstelling schimmelcategorieën	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.6. Gevonden schimmelgeslachten en -soorten	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.7 Samenstelling schimmelgeslachten metabarcoding.....	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.8. Afbraakvermogen gevonden schimmels	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
3.9. Gevonden bacteriesoorten	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
4. Discussie en conclusie.....	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
Literatuurlijst.....	Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.
Bijlagen, zie volgende pagina	

- Bijlage 1. Protocol voor bemonstering rieten daken..... **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 2. Bemonsteringsformulier **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 3. Protocol voor driepunts breektest **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 4. De verschillende schimmelcategorieën **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 5. Schimmelkolonies geselecteerd voor identificatie.. **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 6. Protocol voor DNA extractie en PCR **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 7. De verschillende bacterie categorieën **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 8. Bacteriekolonies geselecteerd voor identificatie **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 9. Verkregen ITS1, ITS4 en uitgelijnde sequenties ... **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 10. BLAST resultaten van barcoding **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 11. Overzicht van twintig geïdentificeerde schimmels met afbeeldingen .. **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 12. Resultaten van metabarcoding **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 13. Geslachten per monstertype, metabarcoding **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**
- Bijlage 14. Enzymplaten voor de afbraak van lignine..... **Fout! Bladwijzer niet gedefinieerd.**

1. Einleitung

Reetdächer prägen das Erscheinungsbild ländlich gelegener (denkmalgeschützter) Gebäude und sind wichtig für den kulturellen Wert einer Landschaft. Aus diesem Grund ist der Erhalt dieser Baukunst gesetzlich verankert (Rijksdienst voor het Cultureel Erfgoed, 2023). Dennoch gestaltet sich die Erhaltung des Reetdachs immer schwieriger, da die Lebensdauer von Reet in den letzten Jahren abgenommen hat (Hofmann et al., 2016; Beenhakker & Daemen, Pers. Comm; National Society of Master Thatchers Limited, 2018). Bereits 1970 wurde die vorzeitige Zersetzung von Reetdächern beobachtet (Haslam, 1989). Aufgrund dieser Zersetzung sind häufigere und umfangreichere Instandsetzungsarbeiten erforderlich, um das Dach in einem funktionsfähigen Zustand zu halten.

Das hat sowohl Nachteile für Hauseigentümer wegen der Zusatzkosten als auch für Reetdachdecker, da die Qualität ihrer Handwerkskunst angezweifelt werden kann.

Eine ernste Bedrohung für Reetdächer stellen Fäulepilze dar. Insbesondere Weiß- und Braunfäulepilze sind in der Lage, Lignocellulose abzubauen. Lignocellulose ist ein wichtiger Bestandteil der Zellwände von Pflanzen und besteht aus Cellulose, Hemicellulose und Lignin. Durch diesen Zersetzungsprozess verliert das Reet seine strukturelle Integrität, wodurch die Qualität des Dachs beeinträchtigt wird. Weißfäulepilze zersetzen Lignin mithilfe von Enzymen wie Ligninase und Laccase, wodurch die Farbe ausbleicht und das beschädigte Material weich und schlaff wird (Leonowicz et al., 1999). Braunfäulepilze sind spezialisiert auf die Zersetzung von Holozellulose (Cellulose und Hemicellulose), wodurch das befallene Material eine dunklere Farbe annimmt und spröde wird (Arantes & Goodell, 2014). Diese Stoffe werden mithilfe von Fenton-Reaktionen abgebaut. In diesem Prozess reagieren die von den Schimmelpilzen ausgeschiedenen Wasserstoffperoxidmoleküle mit den Eisenionen im holzartigen Material, wobei Hydroxylradikale entstehen. Diese sehr reaktiven HO-Moleküle haben eine Halbwertszeit von 9-10 Sekunden und reagieren mit der Holocellulose im holzartigen Material, was die Zersetzung verursacht (Arantes & Goodell, 2014). Das Wachstum der die Lignocellulose abbauenden Schimmelpilze wird unter anderem durch das Klima und die Unterkonstruktion des Daches beeinflusst (geschraubt oder gebunden). Eine steigende Luftfeuchtigkeit und höhere Temperaturen durch den Klimawandel können zu günstigeren Bedingungen für das Schimmelwachstum führen, was möglicherweise eine schnellere Zersetzung von Reetdächern begünstigt (Bilgili & Tokmakci, 2025; Nielsen et al., 2004). Neben Schimmelpilzen können auch Bakterien die Lignocellulose zersetzen (Okeke & Lu, 2011; Wang et al., 2013).

In der Natur sind verschiedene Schimmel- und Hefepilze sowie Bakterien an der Zersetzung des Reets beteiligt. Die Zersetzung von frischem Reet beginnt mit Bläuepilzen, Hefen und speziellen Bakterien, die von leicht zugänglichen Nährstoffen leben. Darauf folgen Lignocellulose abbauende Schimmelpilze

und tunnelbildende/erodierende Bakterien(Ágoston-Szabó & Dinka, 2008; National Society of Master Thatchers Limited, 2018).

Schimmelpilze, die möglicherweise eine Rolle bei der Zersetzung von Reetdächern spielen, sind die Gattungen *Mycena* und *Penicillium*. Arten innerhalb der Gattung *Mycena* können nämlich Cellulose abbauen(Baldrian et al., 2012). Zuvor wurden in einem Bericht der Universität Wageningen verschiedene *Penicillium*-Arten genannt, die eine Rolle bei der Zersetzung von Reet zu spielen schienen(van der Kolk et al., 2020). Es ist noch nicht klar, welche Schimmelpilze an der Zersetzung eines Reetdachs beteiligt sind und ob eine vergleichbare Sukzession wie bei der natürlichen Zersetzung von Reet stattfindet.

Es kann kompliziert sein, Schimmelpilze ohne Hilfsmittel akkurat zu identifizieren, da die morphologischen Eigenschaften manchmal nicht zu unterscheiden sind(Gautam et al., 2022). Mithilfe von Enzymplatten ist es aber möglich, die lignocelluloseabbauenden Eigenschaften zu visualisieren. Dies sind auf Agar basierende Nährmedien, denen Guaiacol, Carboxymethylcellulose oder Xylan zugesetzt wurden, sodass die enzymatische Zersetzung von Lignin, Hemicellulose und Cellulose sichtbar gemacht werden kann (Ang et al., 2011; Dodsall et al., 2014; Gohel et al., 2014; Goud et al., 2011; Pointing, 1999).. Darüber hinaus können die Schimmelpilze mit Methoden wie DNA-Barcoding und Next Generation Sequencing auf Basis von Internal Transcribed Spacers identifiziert werden. Diese nicht-kodierenden Gene sind hochgradig polymorph und daher geeignet, Arten voneinander zu unterscheiden.(Fajarningsih, 2016).

Diese Studie wurde durchgeführt, um die beschleunigte Zersetzung von Reetdächern darzustellen. Das dafür gesetzte Ziel lautete „Identifikation von Schimmelpilzen und/oder Bakterien, die bei der beschleunigten Zersetzung von Reetdächern beteiligt sind sowie der Nachweis des Vorhandenseins oder des Fehlens einer mikrobiellen Sukzession“. Dafür wurden Proben von elf Dächern von Reet mit jeweils unterschiedlichem Grad der Schädigung entnommen. Diese Proben wurden mikroskopisch untersucht und kultiviert, um Reinkulturen (Schimmelpilze), flüssige Mischproben (Schimmelpilze) und Isolate (Bakterien) zu gewinnen. Anschließend wurden diese nach visuellen Merkmalen kategorisiert, und mindestens ein Schimmelpilz pro Kategorie wurde anhand der Sanger-Sequenzierung auf Basis isolierter DNA extern identifiziert. Parallel zur Identifikation wurden dieselben Schimmelpilze auf Nährmedien unter Zugabe von Guaiacol, Carboxymethylcellulose und Xylan kultiviert, um auf diese Weise ihr holzschädigendes Vermögen zu visualisieren. Darüber hinaus wurden die flüssigen Mischproben mithilfe von Next Generation Sequencing auf Basis von PCR-Produkten identifiziert, und die Bakterienisolate anhand ihrer Form und Gramfärbung bestimmt. Zusätzlich wurde die strukturelle Integrität des Reets mittels eines Drei-Punkt-Biegeversuchs untersucht, um den Effekt der Schimmelpilze auf die Festigkeit des Reets zu ermitteln.

2. Material und Methode

2.1. Probenentnahme von Reetdächern

Die Reetproben wurden von elf geschädigten Reetdächern entnommen. Diese Schädigung wurde zuvor durch Sichtprüfung von Reetdachdeckern der Rietdekkersgilde festgestellt. Die beprobten Dächer befinden sich in der südlichen Hälfte der Niederlande. Die Dächer unterschieden sich in Alter und Standort (Tabelle 1).

Innerhalb der beprobten Dächer lassen sich zwei Dachkonstruktionen unterscheiden: gebundene oder geschraubte Dächer. Vier der Dächer haben eine gebundene Konstruktion, fünf eine geschraubte Konstruktion und bei zwei Dächern ist die Konstruktionsweise nicht bekannt (Tabelle 1).

Die Proben wurden gemäß dem erstellten Protokoll entnommen, und für jede Probe wurde ein Probennahmeformular ausgefüllt (Anhang 1, Anhang 2). Die Proben stammen aus dem Kern und dem Rand des geschädigten Bereichs sowie aus einem ungeschädigten Bereich auf derselben Höhe. War mehr als ein Schimmelfleck sichtbar, wurden die Proben aus dem größten Schimmelfleck entnommen (Abbildung 1).

Neben den Proben der geschädigten Dächer wurde auch eine Probe aus sauberem, ungeschädigten Neureet angeliefert, das noch nicht auf einem Dach verwendet wurde, sondern Teil einer Lieferung neuen Reets war.

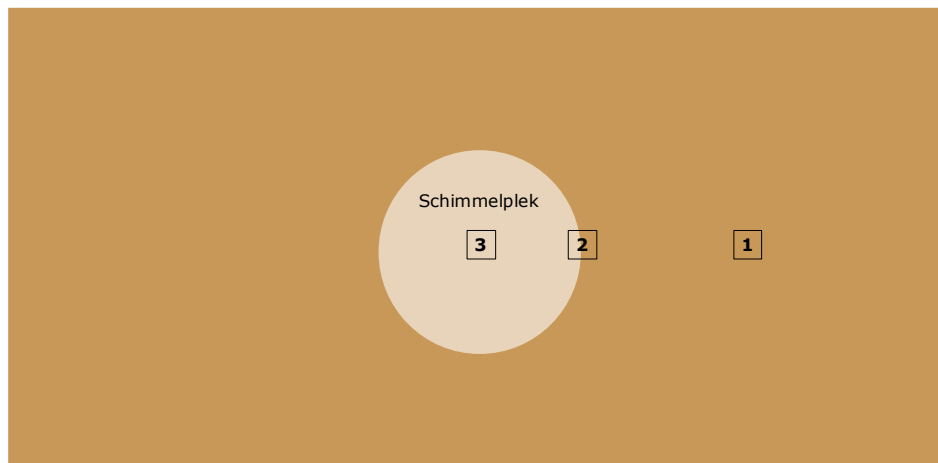


Abbildung 1: Ein Probennahmeszenario mit einem Schimmelfleck. Von diesem Schimmelfleck wurden die Proben 1 (nicht geschädigt), 2 (Rand des Flecks) und 3 (Kern des Flecks) entnommen.

Die Proben wurden in verschlossenen Plastikbeuteln zusammen mit den zugehörigen Probennahmeformularen angeliefert und in einer Kühlzelle bei 8 °C gelagert. Sofern ausreichend Material vorhanden war, wurde von jeder Probe ein Teil in einen Gefrierschrank bei einer Temperatur von -22 °C aufbewahrt (Tabelle 1).

Tabelle 1: Übersicht der entnommenen Reetproben. In der Spalte „Probentyp“ wird angegeben, ob die Probe von ungeschädigtem Reet vom Dach, Rand des Schimmelflecks oder Kern des Schimmelflecks stammt (Probentyp 1, 2 und 3). Fehlten Informationen auf dem Probennahmeformular, wurde „unbekannt“ eingetragen. In der Spalte „Gefrierschrank“ ist vermerkt, ob das Probenmaterial im Gefrierschrank gelagert wurde.

Dach	Probe	Standort	Reetalter	Reetherkunft	Dachtyp	Ausrichtung	Probentyp	Gefrierschrank
Neureet	0		0 Jahre	China			Neureet	Ja
1	1	Breda	2004 (10/11 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Süden	3	Ja
1	2	Breda	2004 (10/11 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Süden	2	Ja
1	3	Breda	2004 (10/11 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Westen	3	Ja
1	4	Breda	2004 (10/11 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Westen	2	Ja
1	5	Breda	2004 (10/11 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Unbekannt	1	Ja
2	6	Rotterdam	1994 (30 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Südwesten	3	Ja
2	7	Rotterdam	1994 (30 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Südwesten	2	Ja
2	8	Rotterdam	1994 (30 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Südwesten	1	Ja
2	9	Rotterdam	1994 (30 Jahre)	Niederlande	Gebunden	Südwesten	3	Ja
3	10	Sprundel	Unbekannt	Unbekannt	Geschraubt	Süden	3	Ja
3	11	Sprundel	Unbekannt	Unbekannt	Geschraubt	Süden	1	Ja
3	12	Sprundel	Unbekannt	Unbekannt	Geschraubt	Süden	3	Ja
3	13	Sprundel	Unbekannt	Unbekannt	Geschraubt	Süden	1	Ja
4	14	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Gebunden	Süden	3	Ja
5	15	De Meern	Unbekannt	Ungarn	Unbekannt	Osten	3	Ja
5	16	De Meern	Unbekannt	Ungarn	Unbekannt	Osten	1	Ja
6	17	Boskoop	Unbekannt	Niederlande	Unbekannt	Süden	3	Ja
6	18	Boskoop	Unbekannt	Niederlande	Unbekannt	Süden	1	Ja
7	19	Breda	16 Jahre	Ungarn	Gebunden	Südwesten	3	Ja
7	20	Breda	16 Jahre	Ungarn	Gebunden	Südwesten	1	Ja
8	21	Rijsbergen	9,5 Jahre	Türkei	Geschraubt	Süden	3	Ja
8	22	Rijsbergen	9,5 Jahre	Türkei	Geschraubt	Süden	1	Ja
9	23	Rotterdam	9 Jahre	Niederlande	Geschraubt	Süden	3	Ja
10	24	Rockanje	5 Jahre	Niederlande	Geschraubt	Südosten	3	Nein

11	25	Rotterdam	25 Jahre	Türkei	Geschraubt	Südwesten	3	Ja
----	----	-----------	----------	--------	------------	-----------	---	----

2.2. Sichtbare, mikroskopische und strukturelle Merkmale der Schädigung

Die eingegangenen Reetproben wurden – sofern möglich – am Tag des Eingangs makroskopisch und unter einem Stereomikroskop auf Spuren der Schädigung untersucht. War es nicht möglich, die Proben am selben Tag zu untersuchen, wurden sie maximal drei Tage in einer Kühlzelle bei 8 °C gelagert.

Das Vorhandensein oder Fehlen sichtbarer Schimmelpilze wurde bestimmt, indem ein Teil des Reethalms makroskopisch (mit bloßem Auge) und unter einem Stereomikroskop untersucht wurde, um festzustellen, ob Myzel vorhanden war. War makroskopisch eine Schädigung erkennbar, wurde ein geschädigter Teil des Halms ausgewählt. War keine Schädigung sichtbar, wurde ein beliebiger Teil eines Halms ausgewählt. Die Farbe der eventuellen Schädigung wurde visuell unter dem Stereomikroskop bestimmt (Vergrößerung 1- bis 5-fach). Von jeder Probe wurden Aufnahmen gemacht.

Von allen Proben wurde Präparate erstellt, indem dünne Stücke des Reets und die Schädigung aus dem zuvor untersuchten Teil des Halms entnommen und auf einen Objektträger in einem Tropfen Wasser gelegt wurden. Unter einem Durchlichtmikroskop wurde geprüft, ob Sporen vorhanden waren (Vergrößerung 100- und 400-fach). Von jedem Präparat wurden Aufnahmen gemacht. Darüber hinaus wurden einige häufig vorkommende Formen der Schädigung unter einem Rasterelektronenmikroskop (REM) untersucht. Verwendet wurde ein FEI Quanta250 FEG-Mikroskop. Die Reetstücke wurden mit leitfähiger Silberfarbe auf Stubs befestigt. Die SE-Bilder (Sekundärelektronen) wurden bei einer Beschleunigungsspannung von 5 kV, einem Strahlstrom von 50 pA und einem Kammerdruck von 50 Pa H₂O aufgenommen.

Die Festigkeit des Reets wurde mit einem Drei-Punkt-Biegeversuch auf einer Druck-/Zugprüfmaschine (Instron 3344) bestimmt, wobei die erforderliche Druckkraft gemessen wurde, um einen 9 cm langen Halm um 10 mm einzudrücken. Die Auflagepunkte der Probe waren 5 cm auseinander platziert (Anhang 3). Der Biegetest wurde für Reet aus allen Proben durchgeführt, mit Ausnahme der Probe von Dach 10, da nicht genügend Material verfügbar war. Die Festigkeit von Neureet, das noch nie auf einem Dach verwendet wurde, wurde ebenfalls getestet, sowohl direkt nach Eingang als auch nach vier Tagen in einem Trockenofen bei 80 °C. Dies diente dazu, zu prüfen, ob eine zusätzliche Trocknungsperiode die Festigkeit des Reets beeinflusst.

2.3. Identifikation von Schimmelpilzarten

Die Schimmelpilze wurden, sofern vorhanden, von den Proben auf Reetplatten übertragen, indem vier Reetstücke von jeweils etwa 5 cm auf einen Nährboden (Malzextrakt-Agar (MEA)) gesetzt wurden. Die MEA-Nährböden wurden durch Zugabe von 50 Gramm MEA-Pulver zu 1 Liter Wasser hergestellt. War eine sichtbare Schädigung vorhanden, wurden geschädigte Reethalme verwendet. War keine Schädigung sichtbar, wurden beliebige Halme verwendet. Die Reetplatten, also die Nährböden mit den Reetstücken darauf, wurden fünf Tage lang bei 25 °C inkubiert. Nach der Inkubationszeit wurden pro Reetplatte die Anzahl der unterschiedlichen Morphologien bestimmt. Dies erfolgte anhand makroskopischer Beobachtung mit bloßem Auge. Die Auswahl von Nährböden und Inkubationstemperatur basierte auf einer Pilotstudie. Die Versuchsanordnung wurde in doppelter Ausführung durchgeführt.

Die auf den Platten gewachsenen Schimmelpilze wurden anhand äußerlicher Merkmale miteinander verglichen. Pro Erscheinungsbild/Morphologie wurden mehrere (mindestens 1, maximal 23) Schimmelpilze auf neue MEA-Nährböden übertragen und gereinigt, sodass jede Reinkultur nur eine Art enthält. Auf Basis der morphologischen Merkmale der Reinkulturen wurden elf Schimmelpilzkategorien erstellt (Anhang 4). Die Reinkulturen wurden diesen elf Kategorien zugeordnet. Die makroskopische Klassifikation erfolgte anhand der folgenden Merkmale: Farbe, Struktur, Form und Rand der Kolonie. Der Rand der Kolonie beschreibt die visuelle Trennung der Kolonie zum Agar oder zu einer benachbarten Schimmelkolonie und kann rund, fransig oder fadenartig sein. Die Reetplatten wurden mit den elf Kategorien verglichen, um zu bestimmen, welche Kategorien in den Reetproben vorhanden waren. Für die externe Identifikation wurden 19 Kolonien ausgewählt, mindestens eine pro Kategorie. Zusätzlich wurde eine Reinkultur des Austernpilzes (*Pleurotus ostreatus*) als 20. Kolonie verwendet (Anhang 5). Von den 20 Reinkulturen wurden Aufnahmen mit einem Stereomikroskop, einem Durchlichtmikroskop und einem Rasterelektronenmikroskop (REM, FEI Quanta250 feg) angefertigt. Mit einem scharfen Messer wurden kleine Blöcke des Nährbodens mit Schimmel von den Platten geschnitten. Die Blöcke wurden mit leitfähiger Silberfarbe auf Stubs befestigt, wobei eine Schicht Silberfarbe über einem Rand der Blöcke aufgetragen wurde. Die SE-Bilder (Sekundärelektronen) wurden bei einer Beschleunigungsspannung von 5 kV, einem Strahlstrom von 50 pA und einem Kammerdruck von 50 Pa H₂O aufgenommen.

Die Reinkulturen wurden auf Enzymplatten übertragen, um den enzymatischen Abbau von Lignin, Cellulose und Hemicellulose zu untersuchen. Für den Abbau von Lignin wurden 0,2 Gramm Guaiacol pro Liter MEA verwendet (Ang et al., 2011; Goud et al., 2011). Für den Abbau von Cellulose und Hemicellulose wurden jeweils 50 g Carboxymethylcellulose (CMC) bzw. 10 g Xylan pro Liter MEA eingesetzt (Doddall et al., 2014; Gohel et al., 2014; Pointing, 1999). Die Platten mit CMC und Xylan

wurden sechs Tage lang bei 25 °C inkubiert. Nach der Inkubation wurden die Platten bewertet, indem der Schimmel abgeschabt, die platten mit Lugol gespült und auf das Fehlen von Verfärbungen unterhalb und neben der Schimmelkolonie untersucht wurde. Die Guaiacol-Platten wurden 13 Tage lang bei 25 °C inkubiert. An Tag 6 und Tag 13 wurden die Platten auf rotbraune Verfärbung neben und unterhalb der Schimmelkolonie überprüft.

Aus den 20 ausgewählten Reinkulturen wurde DNA isoliert. Zusätzlich wurde DNA aus gelb/orangefarbenen Flaum und Fruchtkörpern von zwei Reetproben isoliert. Hierfür wurde das NucleoSpin Plant II Kit von Macherey-Nagel verwendet. Anschließend wurde eine PCR mit den Primern ITS1 (5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3') und ITS4 (5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC-3') durchgeführt (Anhang 6). Als Negativkontrolle diente eine Blindprobe, die nur aus Wasser bestand. Das erhaltene PCR-Produkt besteht aus zwei Sequenzen: Sequenz 1 (ITS1) enthält die ITS1-Primersequenz, die ITS1-Region, das 5.8S-Gen und die ITS2-Region. Sequenz 2 (ITS4) enthält die ITS4-Primersequenz, die ITS2-Region, das 5.8S-Gen und die ITS1-Region. Die PCR-Produkte wurden an Eurofins Genomics zur Sanger-Sequenzierung gesendet (Eurofins Genomics, z.d.-a). Eine einzige willkürliche Reinkultur (Kolonie 10) wurde zur Kontrolle doppelt eingesandt (Identifikationsnummern 10 und 25).

Die Ergebnisse der Sanger-Sequenzierung (ITS1- und ITS4-Sequenzen) wurden in BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) kombiniert. Die erhaltenen ausgerichteten Sequenzen wurden vollständig in der ITS-Datenbank von BLAST gesucht und der wahrscheinlichsten Identifizierung zugeordnet (National Institutes of Health, z.d.). Ein minimaler Query-Cover-Wert von 70 % wurde verwendet; der Mindestwert für die Identität betrug 90 %. Identifizierungen wurden als „nahezu sicher“ betrachtet, wenn ein Query-Cover-Wert von mindestens 75 % und eine Identität von mindestens 97 % erreicht wurde. Bei einer Identität zwischen 94 % und 97 % galt die Identifizierung als „unsicher“. Das Schädigungsvermögen der Schimmelpilze wurde auf Basis der Literatur bestimmt.

Von allen erhaltenen Proben (außer von Dach 10) wurde eingelagertes Material aus dem Gefrierschrank entnommen und in flüssige Malzextrakt-Bouillon gegeben. Nach drei Tagen Inkubation bei 25 °C wurde DNA aus dem flüssigen Nährboden mit Hilfe des NucleoSpin Plant II Kit isoliert. Die erhaltene DNA wurde an Eurofins Genomics für ein Metabarcoding mit dem INVIEW Microbiome Profiling Service gesendet (Eurofins Genomics, z.d.-b). Auf Basis der Literatur wurde das Schädigungsvermögen der Schimmelpilze bestimmt.

2.4. Identifizierung von Bakterienarten

Bakterien wurden von den Reetproben auf Reetplatten übertragen, indem vier Reetstücke von jeweils etwa 5 cm auf einen Nährboden (Nähragar (NA)) gesetzt wurden. Die NA-Nährböden wurden durch Zugabe von 20 Gramm NA-Pulver zu 1 Liter Wasser hergestellt. War eine sichtbare Schädigung vorhanden, wurden geschädigte Reethalme verwendet. War keine Schädigung sichtbar, wurden beliebige Halme verwendet. Die Reetplatten, also die Nährböden mit den Reetstücken darauf, wurden fünf Tage lang bei 25 °C inkubiert. Nach der Inkubationszeit wurde pro Reetplatte makroskopisch (mit bloßem Auge) die Anzahl der unterschiedlichen Morphologien bestimmt. Die Versuchsanordnung wurde in doppelter Ausführung durchgeführt.

Bakterien wurden von den Reetplatten auf Nähragar-Platten (NA) übertragen, um Isolate zu gewinnen. Diese Isolate bestehen aus jeweils einer einzigen Bakterienart. Anschließend wurden die Isolate anhand der Koloniemorphologie (Farbe, Struktur, Form, Rand) in Kategorien eingeteilt (Anhang 7). Pro Kategorie wurden ein bis vier Isolate für die weitere Identifizierung ausgewählt (Anhang 8). Mit Hilfe eines Durchlichtmikroskops und durch Gramfärbung wurden die Isolate klassifiziert und in grampositive und -negative Stäbchen, Kokken und kommaförmige Bakterien eingeteilt.

2.4. Datenanalyse

Um Unterschiede in der Festigkeit des Reets zwischen den Probentypen, Dachtypen und einzelnen Dächern zu prüfen, wurden Kruskal-Wallis-Tests mit Dunn-Tests (Bonferroni als Korrektur) als Post-hoc-Verfahren verwendet, da die Daten nicht normalverteilt waren (Shapiro-Wilk-Test). Die gleichen Tests wurden eingesetzt, um zu untersuchen, ob Unterschiede in der Festigkeit zwischen Neureet vor und nach dem Trocknen bestehen. Kruskal-Wallis- und Dunn-Tests wurden ebenfalls verwendet, um Unterschiede in der Anzahl einzigartiger Morphologien auf den beiden Nährbödentypen zwischen den Probentypen, Dachtypen und Dächern zu prüfen. Um zu testen, ob Unterschiede in den gefundenen Schimmelpilzkategorien zwischen den Probentypen, Dachtypen und einzelnen Dächern bestehen, wurden PERMANOVA- und Pairwise-PERMANOVA-Tests eingesetzt. Die gleichen Tests wurden auch verwendet, um Unterschiede in der Zusammensetzung der Schimmelpilze, die mittels Metabarcoding ermittelt wurden, zwischen Probentypen, Dachtypen und Dächern zu analysieren. Die gefundenen Bakterientypen wurden in einem Histogramm dargestellt. Alle statistischen Analysen wurden mit der Software RStudio durchgeführt (Posit Software, z.d.).

3. Ergebnisse

3.1. Sichtbare Merkmale der Schädigung

In sieben Proben wurden Fruchtkörper gefunden (Abbildung 2). Diese Proben stammten aus dem Kern eines Schimmelflecks. Die Fruchtkörper weisen stachelförmige Strukturen auf (Abbildung 2B).

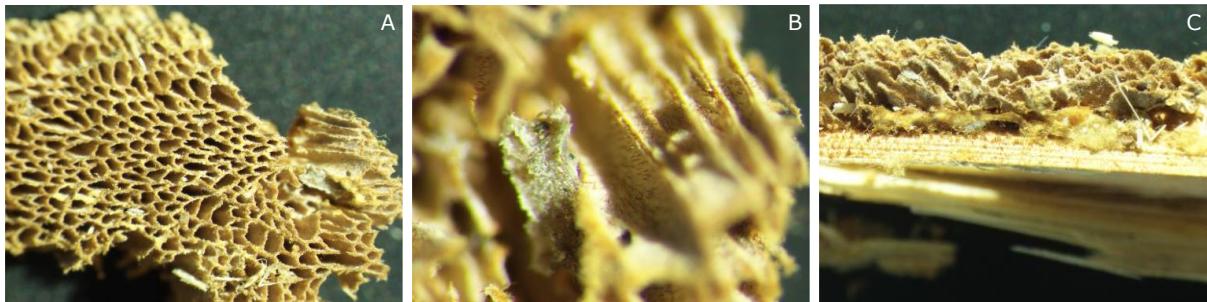


Abbildung 2: In Reetproben vorgefundene Fruchtkörper. Abbildung A: Draufsicht auf einen Fruchtkörper. Abbildungen B: Detailaufnahme der stachelförmigen Strukturen Abbildung C: Seitenansicht eines Fruchtkörpers auf einem Reethalm.

Zwölf Proben enthielten gelb bis orangefarbenen Flaum (Abbildung 3). Drei dieser Proben stammten vom Rand des Schimmelflecks, die übrigen aus dem Kern.

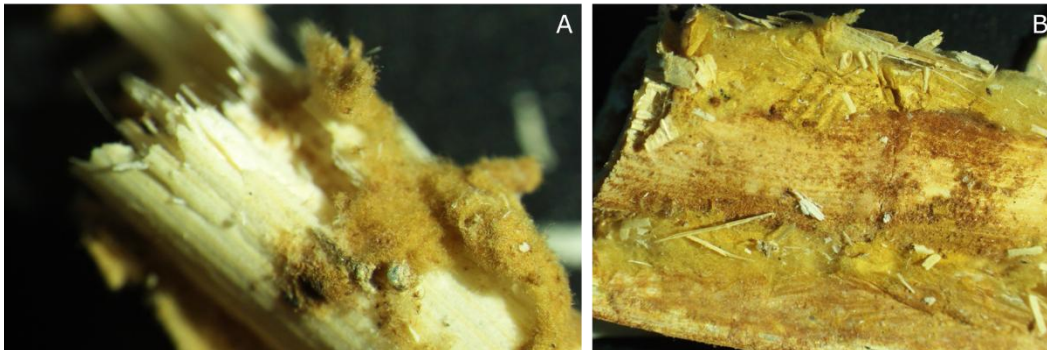


Abbildung 3: Gelb/orangefarbener Flaum auf Reetproben. Abbildung A: Draufsicht des Flaums. Abbildung B: Detailaufnahme des Flaums auf Reet.

Auf Proben vom Rand und Kern der Schimmelflecken wurde geschädigtes Reetmaterial mit weißer Verfärbung und weicher Struktur festgestellt (Abbildung 4). Die Struktur des Reets war von geringer Qualität und das Material zerfiel leicht. Diese Struktur war auf ungeschädigtem Reet der Dächer nicht vorhanden.

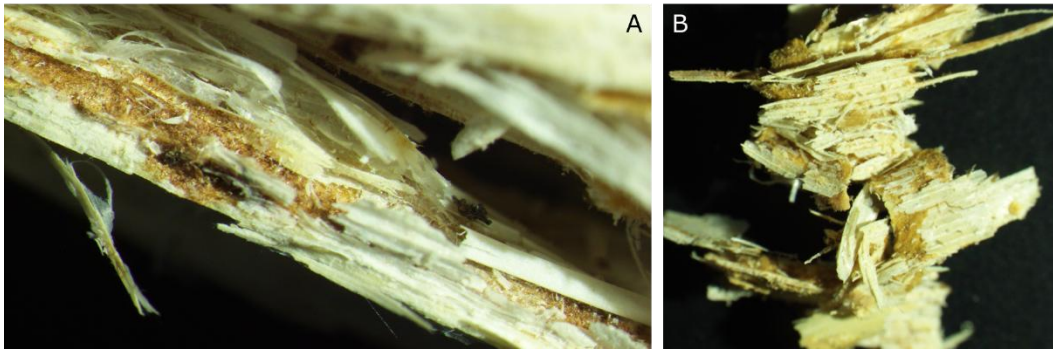


Abbildung 4: Weiß und weich gewordenes Reet. Abbildung A: Detailaufnahme von weichem Reet. Abbildung B: Detailaufnahme geschädigten Reets.

Im Kern des Schimmelflecks eines Dachs wurden schwarze Flecken und weißer Flaum beobachtet. Sowohl auf ungeschädigtem Reet als auch im Kern der Schimmelflecken wurden Algen gefunden (Abbildung 5).

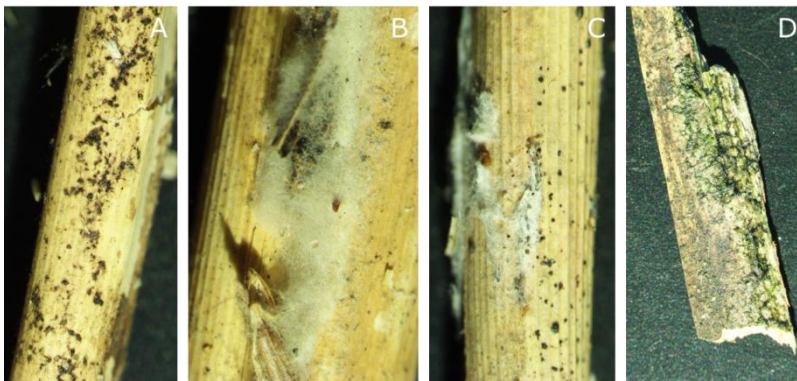


Abbildung 5: Schwarze Flecken und weißer Flaum. Abbildung A: Draufsicht Algen. Abbildung B: Detailaufnahme weißer Flaum. Abbildung C: Draufsicht Alge und weißer Flaum. Abbildung D: Draufsicht Algen.

3.2. Mikroskopische Merkmale der Schädigung

Auf siebzehn der Proben wurden Sporen nachgewiesen (Abbildung 6). Auf dem Neureet, das nie auf einem Dach gelegen hat (Dach 0), wurden keine Sporen gefunden. Die Proben stammten aus dem Kern eines Schimmelflecks, vom Rand des Schimmelflecks sowie von ungeschädigten Bereichen. Nicht auf allen Proben aus dem Kern eines Schimmelflecks wurden Sporen festgestellt. Dasselbe gilt für die Proben vom Rand und von ungeschädigtem Reet.

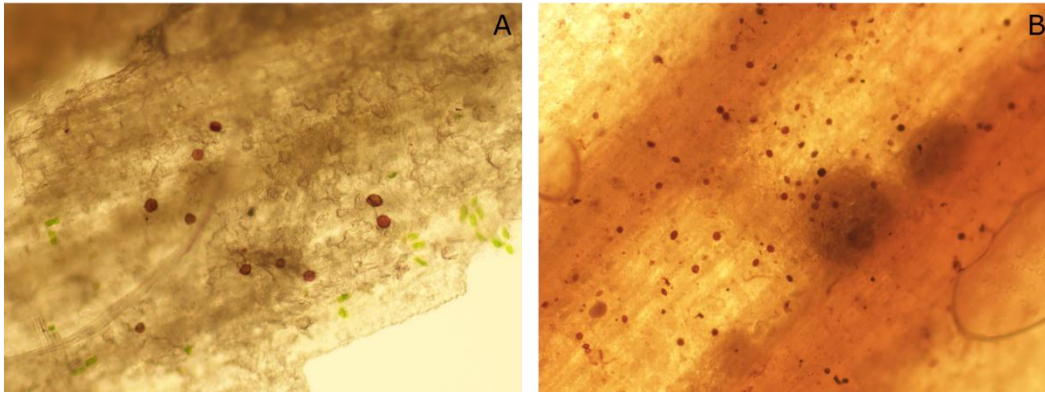


Abbildung 6: Abbildungen A und B zeigen Schimmelsporen bei 100-facher Vergrößerung.

Auf vierzehn Proben wurden stachelförmige Strukturen beobachtet (Abbildung 7). In Proben von ungeschädigten Bereichen wurden diese Strukturen nicht gefunden. Die stachelförmigen Strukturen wurden auf dem Reet, im Flaum und in den Fruchtkörpern festgestellt. In allen Proben vom Rand des Schimmelflecks wurden die Stacheln nachgewiesen; dies war bei den Proben aus dem Kern nicht der Fall.

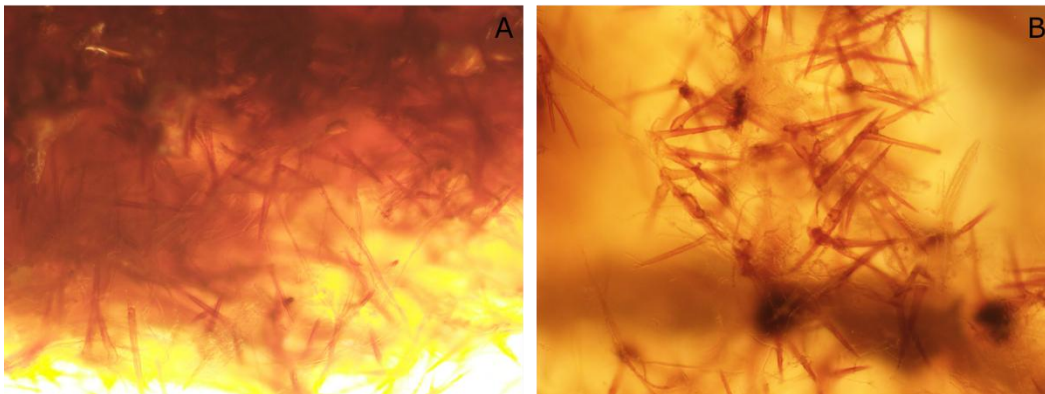


Abbildung 7: Abbildungen A und B zeigen die auf dem Reet gefundenen Stacheln bei 100-facher Vergrößerung.

Verschiedene Formen der Schädigung (Fruchtkörper, Flaum und Stacheln) wurden mit einem Rasterelektronenmikroskop (REM) untersucht. Sowohl im Flaum als auch in den Fruchtkörpern wurden Stacheln nachgewiesen (Abbildungen 8 und 10). Die Struktur der beiden untersuchten Fruchtkörper wies Unterschiede auf (Abbildungen 9 und 10).

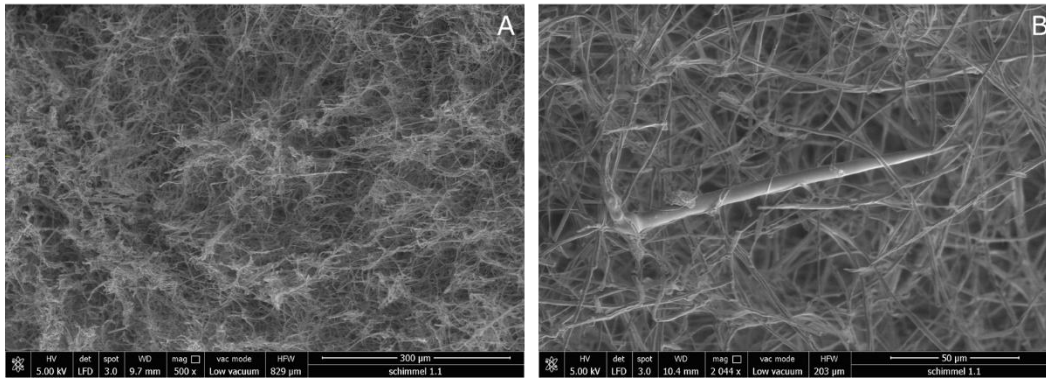


Abbildung 8: REM-Aufnahmen des orangefarbenen Flaums und eines Stachels im Flaum. Die Probe stammt von Dach 1.

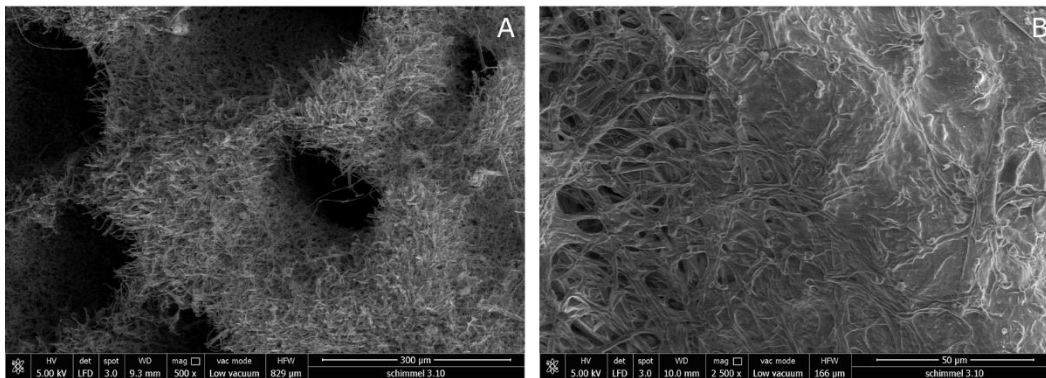


Abbildung 9: REM-Aufnahmen eines Fruchtkörpers von Dach 3, Probe 10.

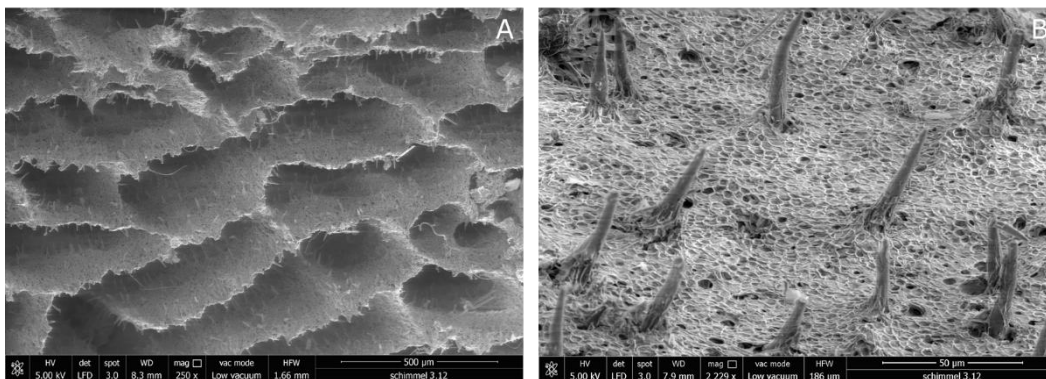


Abbildung 10: REM-Aufnahmen eines Fruchtkörpers von Dach 3, Probe 12.

3.3. Strukturelle Integrität von Reet

Das ungeschädigte Reet war signifikant stärker als das Reet aus dem Kern eines Schimmelflecks (Abbildung 11). Es waren durchschnittlich 7 Newton mehr erforderlich, um ungeschädigtes Reet zu

brechen als Reet aus dem Kern des Schimmelflecks. Der maximale Druck auf das Reet vom Rand des Schimmelflecks unterschied sich nicht signifikant von den anderen beiden Probentypen.

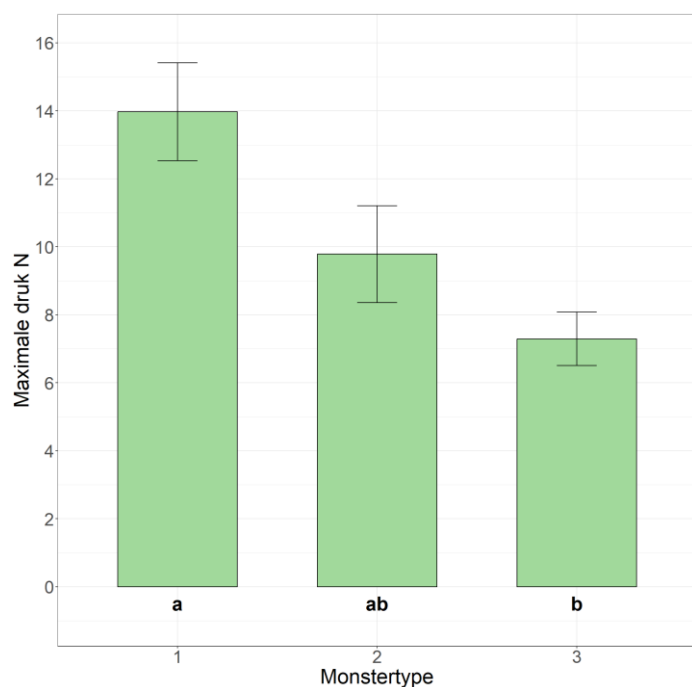


Abbildung 11: Durchschnittlicher maximaler Druck in Newton, der erforderlich ist, um einen Reethalm zu brechen. Getrennt dargestellt für ungeschädigtes Reet, Rand des Schimmelflecks und Kern des Schimmelflecks (Probentyp 1, 2 und 3). Unterschiedliche Buchstaben in der Grafik kennzeichnen signifikante Unterschiede zwischen den Probentypen ($p < 0,05$). Die Standardabweichung ist durch Fehlerbalken dargestellt.

Zwischen den gebundenen und geschraubten Dachkonstruktionen wurde kein signifikanter Unterschied beim maximalen Druck festgestellt (Abbildung 12).

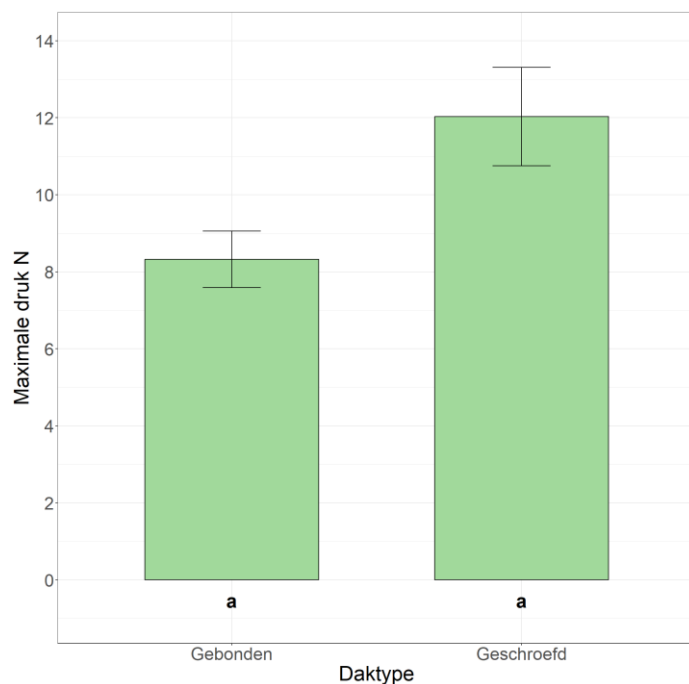


Abbildung 12: Durchschnittlicher maximaler Druck in Newton (mit \pm Standardfehler und Signifikanzbuchstaben) für zwei Dachtypen: gebunden und geschraubt.

Zwischen den Dächern wurden große Unterschiede im maximalen Druck festgestellt. Das Reet von Dach 3 war das stärkste, unterschied sich jedoch nur signifikant von Dach 7 und 9. Das Reet von Dach 9 war das schwächste und wies signifikante Unterschiede zu den Dächern 1, 3, 6, 7 und 8 auf. Die Reethalme von Neureet, das nie auf einem Dach gelegen hat (Dach 0) benötigten im Durchschnitt 5 Newton zum Brechen, was nicht signifikant von den anderen Dächern abwich (Abbildung 13). Von Dach 10 stand nicht genügend Material für den Test zur Verfügung.

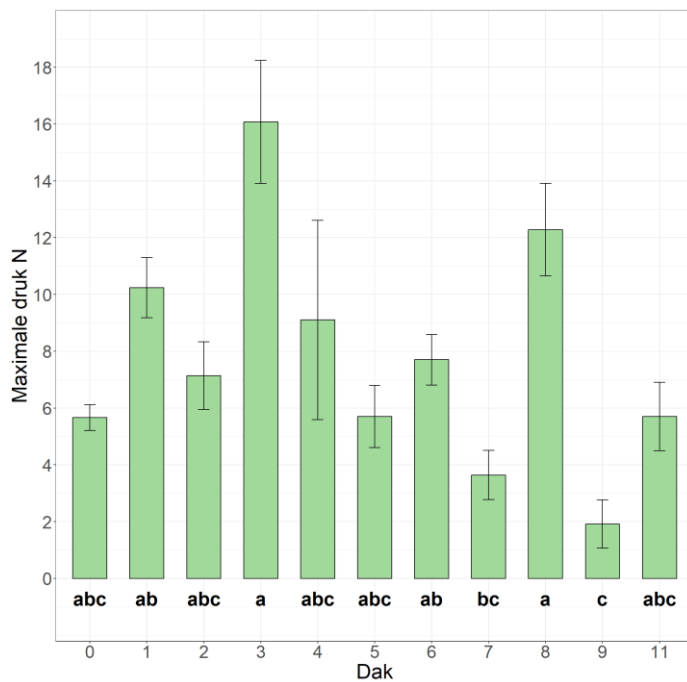


Abbildung 13: Durchschnittlicher maximaler Druck in Newton (mit \pm Standardfehler und Signifikanzbuchstaben), dargestellt pro Dach. Dach 0 besteht aus Neureet, das nie auf einem Dach gelegen hat.

Getrocknetes Neureet war signifikant stärker als ungetrocknetes Neureet (Abbildung 14).

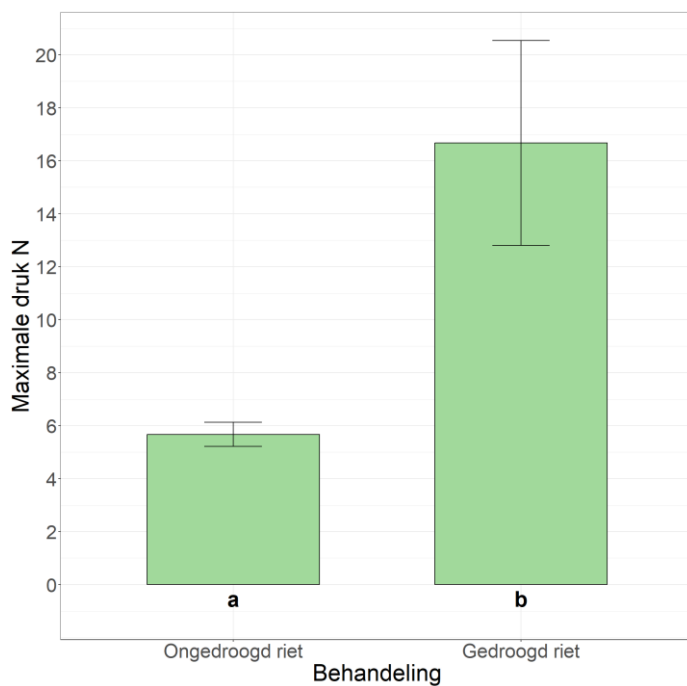


Abbildung 14: Durchschnittlicher maximaler Druck in Newton (mit \pm Standardfehler und Signifikanzbuchstaben) für ungetrocknetes Neureet und getrocknetes Neureet.

3.4. Anzahl an Schimmelpilz- und Bakterienmorphologien auf Nährböden

Es wurde kein signifikanter Unterschied in der Anzahl eindeutiger Schimmelpilz- und Bakterienmorphologien zwischen ungeschädigtem Reet vom Dach, dem Rand eines Schimmelflecks und dem Kern eines Schimmelflecks festgestellt ($p > 0,05$). Die Zählungen erfolgten separat auf Malzextrakt-Agar (MEA) und Nähragar (NA) (Abbildung 15).

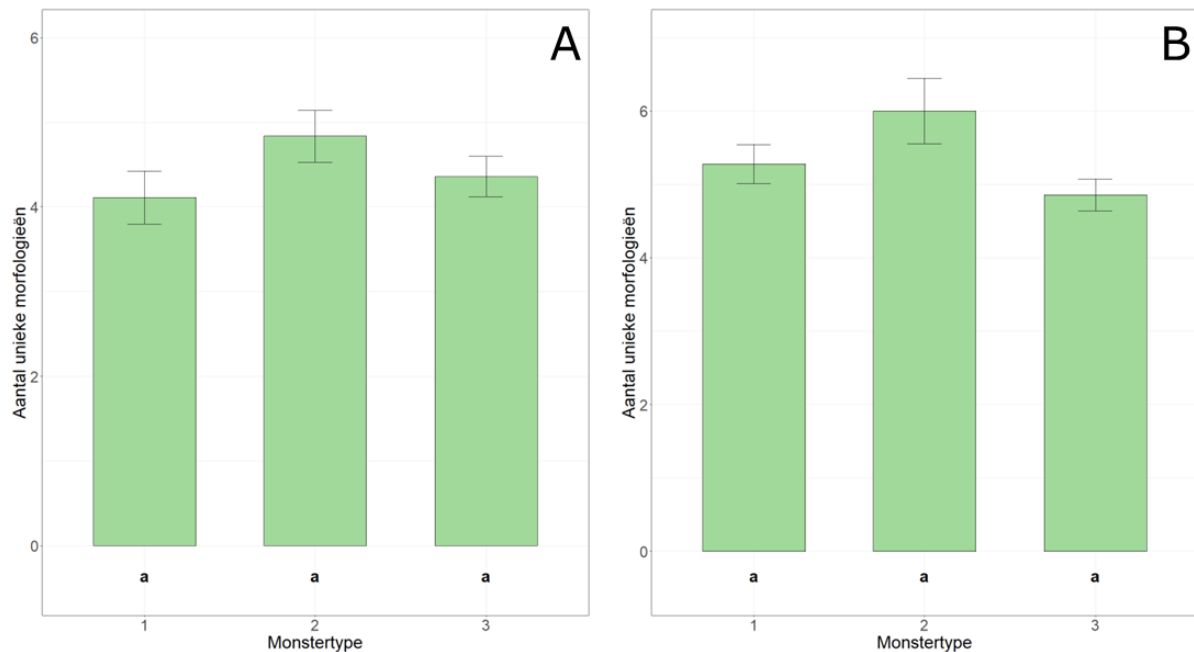


Abbildung 15: Durchschnittliche Anzahl eindeutiger Schimmelpilz- und Bakterienmorphologien, auf Proben von ungeschädigtem Reet, dem Rand eines Schimmelflecks und dem Kern eines Schimmelflecks (mit \pm Standardfehler und Signifikanzbuchstaben). Die Probenotypen sind als 1, 2 und 3 dargestellt. Die Morphologien wurden auf Malzextrakt-Agar (MEA, links, A) und Nähragar (NA, rechts, B) kultiviert.

Auf MEA wurde kein signifikanter Unterschied in der Anzahl der gezählten Morphologien zwischen gebundenen und geschraubten Dächern festgestellt. Auf NA wurden signifikant mehr eindeutige Morphologien auf gebundenen Dächern als auf geschraubten Dächern gefunden (Abbildung 16).

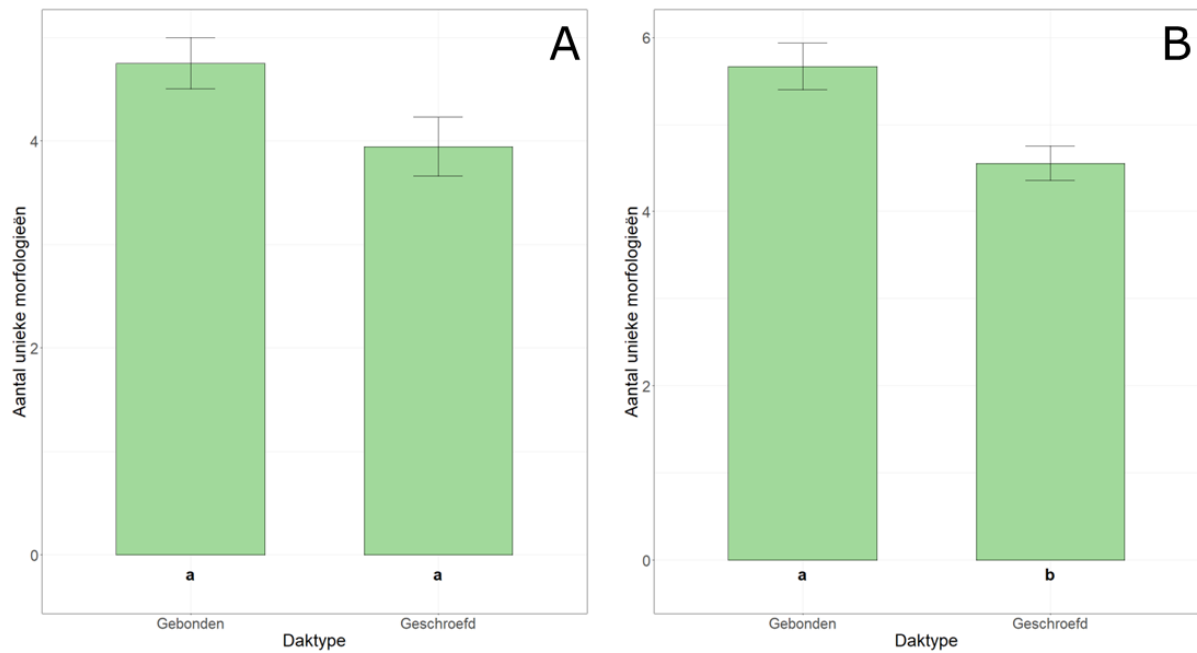


Abbildung 16: Durchschnittliche Anzahl eindeutiger Schimmelpilz- und Bakterienmorphologien (mit \pm Standardfehler und Signifikanzbuchstaben) auf MEA (links, A) und NA (rechts, B), dargestellt für die beiden Dachtypen: gebunden und geschraubt.

Zwischen den einzelnen Dächern wurden keine signifikanten Unterschiede in der Anzahl eindeutiger Morphologien festgestellt. Die Zählungen wurden separat auf MEA und NA durchgeführt. Auf MEA wurden für Dach 4 und 10 bei beiden Zählungen die gleiche Anzahl Morphologien festgestellt. Dasselbe gilt für Dach 4 auf NA (Abbildung 17). Daher wurde keine Standardabweichung angegeben.

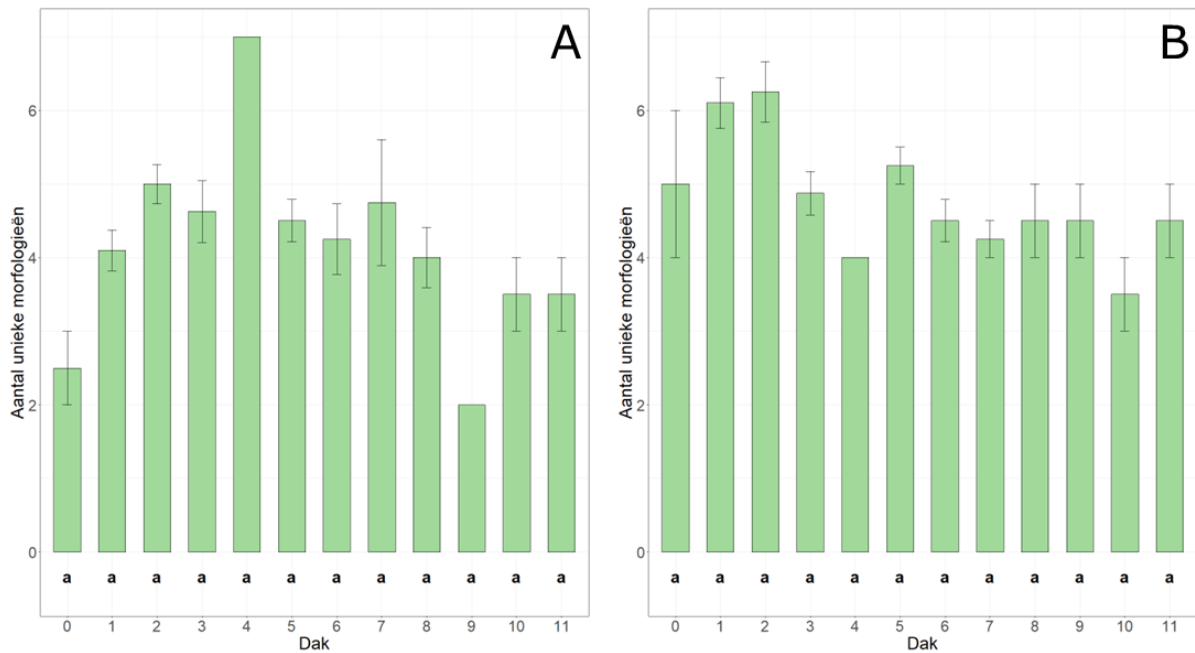


Abbildung 17: Durchschnittliche Anzahl eindeutiger Schimmelpilz- und Bakterienmorphologien (mit \pm Standardfehler und Signifikanzbuchstaben) auf den verschiedenen Dächern. Die Morphologien wurden auf MEA (links, A) und NA (rechts, B) kultiviert. Dach 0 besteht aus Neureet, das nie auf einem Dach gelegen hat.

3.5. Zusammensetzung der Schimmelpilzkategorien

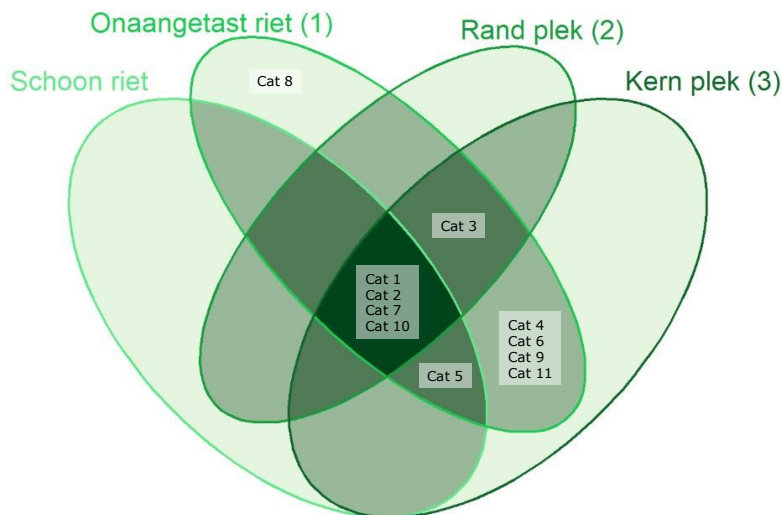
Die Schimmelpilze wurden basierend auf ihren morphologischen Eigenschaften in 11 Kategorien eingeteilt (Anhang 4). Schimmelpilzkategorie 2 trat in jeder entnommenen Probe auf. Kategorie 1 war in fast allen Proben vorhanden. Die Kategorien 8 und 9 traten nur sporadisch auf (Tabelle 2).

Tabelle 2: Die auf den Proben kultivierten Kategorien. Die Einteilung erfolgte auf Basis der Morphologie. In der Tabelle ist angegeben, zu welchem Probenotyp die Probe gehörte und von welchem Dach sie stammte. Vorhandene Kategorien sind grün markiert. Kategorien werden mit „Kat.“ und der entsprechenden Nummer bezeichnet.

Proben- p	Dach	Kat. 1	Kat. 2	Kat. 3	Kat. 4	Kat. 5	Kat. 6	Kat. 7	Kat. 8	Kat. 9	Kat. 10	Kat. 11
Neureet	0											
1	1											
1	2											
1	3											
1	3											
1	5											
1	6											

1	7	■	■			■	■		■		■	
1	8	■	■			■	■				■	
2	1	■	■	■							■	
2	1	■	■	■							■	
2	2	■	■	■				■				
3	1	■	■	■							■	■
3	1	■	■			■					■	
3	2	■	■	■							■	
3	2	■	■			■	■	■			■	■
3	3	■	■							■	■	
3	3		■			■		■				■
3	4	■	■	■	■	■					■	■
3	5	■	■	■	■	■					■	■
3	6	■	■	■	■							
3	7	■	■	■		■						
3	8	■	■				■				■	
3	9	■	■					■				
3	10		■	■	■							
3	11	■	■	■								■

Die Kategorien 1, 2, 7 und 10 traten in allen Probenotypen sowie auf Neureet auf. Die Kategorien 4, 6, 9 und 11 kamen auf ungeschädigtem Reet und im Kern eines Schimmelflecks vor. Kategorie 3 trat auf ungeschädigtem Reet, am Rand und im Kern eines Schimmelflecks auf. Kategorie 5 wurde auf Neureet, ungeschädigtem Reet und im Kern eines Schimmelflecks nachgewiesen. Kategorie 8 kam ausschließlich auf ungeschädigtem Reet vor (Abbildung 18).



Aantal overlappende monstertypen: 1 2 3 4

Abbildung 18: Venn-Diagramm der Kategorien pro Probenotyp. Die Zahlen in Klammern bezeichnen die Probenotypen. Die Farben zeigen die Anzahl der überlappenden Probenotypen: die hellste Farbe entspricht einem Probenotyp, die dunkelste allen vier Probenotypen. Die in den verschiedenen Probenotypen vorkommenden Kategorien sind mit „Kat.“ und der Nummer gekennzeichnet.

Ungeschädigtes Reet und Reet vom Rand eines Schimmelflecks unterscheiden sich signifikant ($p < 0,05$) in der Zusammensetzung der Schimmelpilzkategorien auf den Nährböden mit Reetstücken (Abbildung 19). Zwischen ungeschädigtem Reet und Reet aus dem Schimmelfleck sowie zwischen Reet vom Rand und dem Kern des Schimmelflecks wurden keine signifikanten Unterschiede festgestellt.

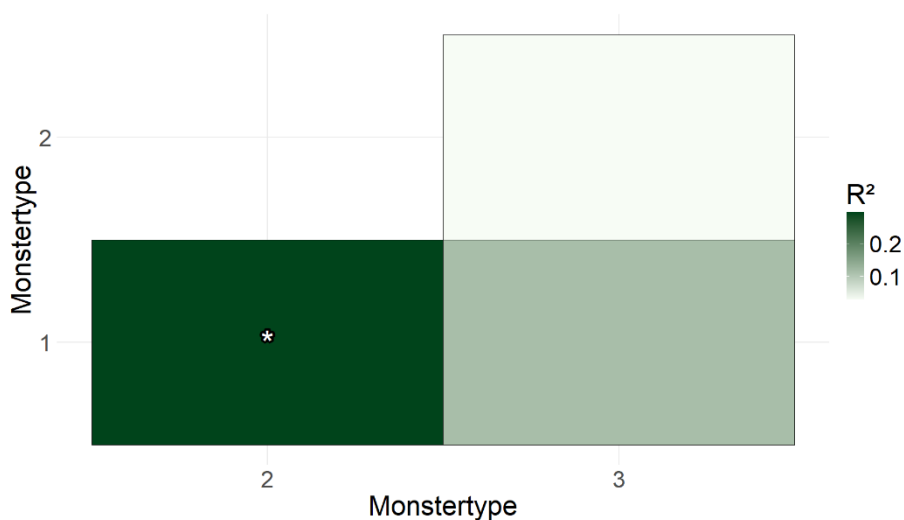


Abbildung 19: Heatmap der gefundenen Kategorien pro Probenotyp. Ein Sternchen (*) kennzeichnet einen signifikanten Unterschied ($p < 0,05$). Höhere R^2 -Werte zeigen größere Unterschiede in der Zusammensetzung zwischen den Probenotypen an.

Es wurden keine signifikanten Unterschiede in der Zusammensetzung der Schimmelpilzkategorien zwischen gebundenen und geschraubten Dachtypen festgestellt. Ebenso bestehen keine signifikanten Unterschiede in der Zusammensetzung der Kategorien zwischen den einzelnen Dächern. Der Vergleich zwischen Dach 5 und Dach 8 zeigt einen hohen R^2 -Wert, was darauf hinweist, dass die Zusammensetzungen nur teilweise übereinstimmen (Abbildung 20).

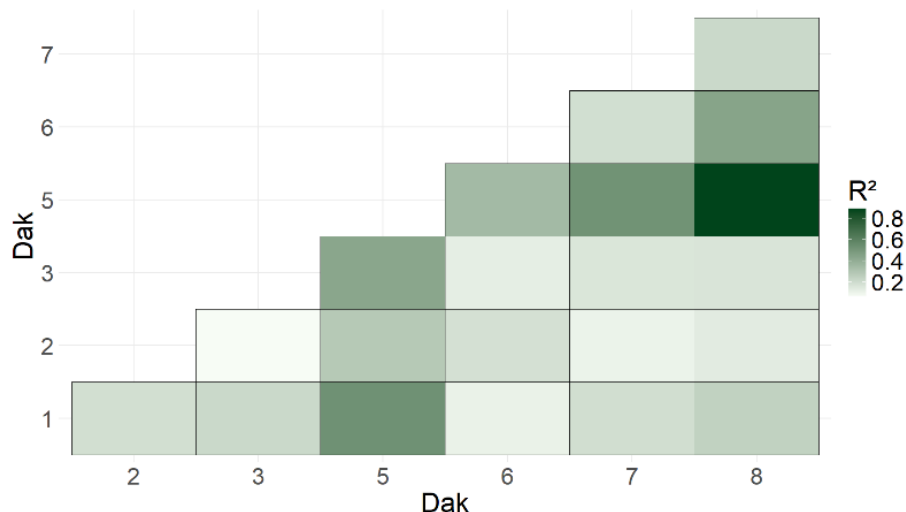


Abbildung 20: Heatmap der gefundenen Kategorien auf den Dächern. Ein Sternchen (*) kennzeichnet einen signifikanten Unterschied ($p < 0,05$). Höhere R^2 -Werte zeigen größere Unterschiede in der Zusammensetzung zwischen den Dächern an.

3.6. Gefundene Schimmelpilzgattungen und -arten

Auf Basis der aus dem Barcoding erhaltenen ausgerichteten Sequenzen wurden die Reinkulturen mithilfe von BLAST identifiziert (Anhang 9). Die wahrscheinlichste Identifizierung ist angegeben (Tabelle 3); die BLAST-Ergebnisse lieferten jedoch auch weitere potenzielle Identifizierungen (Anhang 10). Für den gelb/orangefarbenen Flaum (Nummer 21 und 22) sowie die Fruchtkörper (Nummer 23 und 24) war keine Identifizierung möglich. Bei Reinkultur Nummer 14 war keine Identifizierung auf Basis der DNA möglich; mithilfe der Koloniemorphologie und REM-Aufnahmen konnte jedoch die Gattung bestimmt werden (Abbildung 21). Reinkultur Nummer 18 konnte ausschließlich anhand der ITS4-Sequenz identifiziert werden. Nummer 20 ist eine Kontrollkultur und stammte nicht vom Reet. Von allen Reinkulturen wurden Aufnahmen mit dem Stereomikroskop, dem Durchlichtmikroskop und dem REM angefertigt (Anhang 11).

Tabelle 3: Identifikationsnummer des Schimmelpilzes, identifizierter Name, Sicherheitsprozentsatz und Query-Cover-Wert auf Basis der ausgerichteten Sequenz. Bei einer Identifizierung auf Gattungsebene wurden Sicherheits- oder Query-Cover-Werte nicht angegeben. Identifizierungen mit * enthalten zwei Namen, die Synonyme derselben Art darstellen. Identifizierungen mit ** wurden

anhand mikroskopischer/REM-Eigenschaften vorgenommen. Identifizierungen mit *** basieren auf der ITS4-Sequenz.

Identifikationsnummer	Kategorie	Identifizierung	Sicherheit (%)	Query-Cover (%)
1	10	<i>Mucor</i> cf. <i>brunneogriseus</i> / <i>Mucor</i> cf. <i>plumbeus</i> *	99,44	96
2	5	<i>Rhizopus azygosporus</i>	100,00	100
3	5	<i>Mucor hiemalis</i>	99,82	98
4	9	<i>Umbelopsis</i> sp.	-	-
5	7	<i>Mortierella rishikesha</i>	99,29	100
6	8	<i>Didymella</i> cf. <i>prosopidis</i>	99,79	100
7	8	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	-	-
8	2	<i>Trichoderma atroviride</i>	100,00	100
9	2	<i>Trichoderma</i> sp.	-	-
10	3	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,89	82
11	3	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,67	82
12	1	<i>Penicillium</i> cf. <i>citreosulfuratum</i>	99,60	100
13	1	<i>Penicillium</i> cf. <i>citreonigrum</i>	99,60	100
14	1	<i>Penicillium</i> sp.**	-	-
15	11	<i>Penicillium</i> cf. <i>expansum</i>	99,61	100
16	11	<i>Cladosporium</i> sp.	-	-
17	4	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,68	83
18	4	<i>Umbelopsis</i> cf. <i>brunnea</i> ***	96,71	98
19	6	<i>Mucor circinelloides</i>	99,64	100
20	-	<i>Pleurotus ostreatus</i>	98,82	98
21	-	-	-	-
22	-	-	-	-
23	-	-	-	-
24	-	-	-	-
25	3	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,89	82

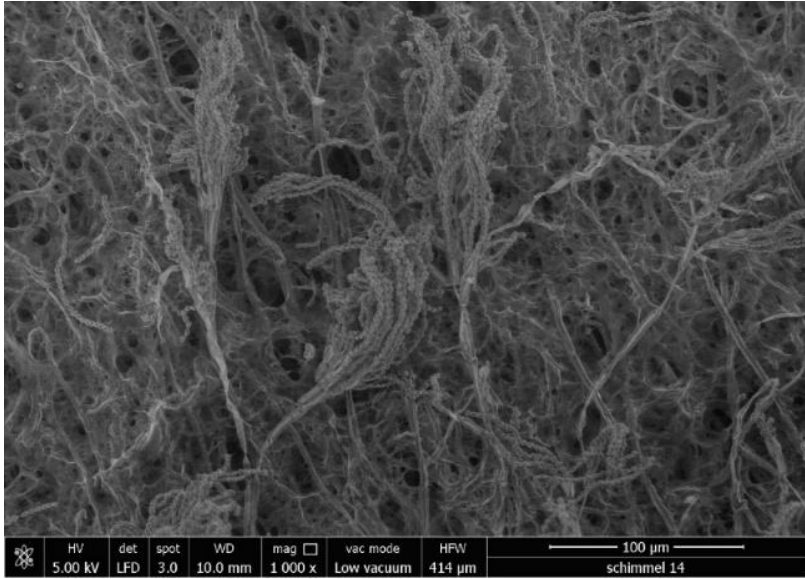


Abbildung 21: REM-Aufnahme sporenbildender Körper von Schimmelpilz 14. Die sporenbildenden Körper sind pinselförmig, typisch für Schimmelpilze der Gattung *Penicillium*.

Die identifizierten Arten lassen sich taxonomisch in vier Abteilungen einteilen: Mucoromycota, Mortierellomycota, Ascomycota und Basidiomycota. Unter Basidiomycota fällt nur der gewöhnliche Austernpilz (*Pleurotus ostreatus*). Dies ist die Kontrollkultur und stammt nicht von den Reetdächern. Auf den Dächern wurden neun verschiedene Familien nachgewiesen. Die Mehrzahl der gefundenen Arten sind saprophytisch (Tabelle 4).

Tabelle 4: Übersicht der identifizierten Schimmelpilze und ihrer taxonomischen Einteilung. Die Einteilung erfolgt von links nach rechts zunehmend spezifischer, von breiteren Gruppen bis auf Artenebene (Westerdijk Fungal Biodiversity Institute et al., z.d.). Die Farben in der Tabelle geben die Lebensweisen der Schimmelpilze an (siehe Legende unten in der Tabelle).

Reich	Abteilung	Klasse	Ordnung	Familie	Gattung und Art
Fungi	Mucoromycota	Mucoromycetes	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor cf. brunneogriseus</i> ^{8, 10}
					<i>Mucor hiemalis</i> ^{8, 10}
					<i>Mucor circinelloides</i> ^{8, 10}
			Rhizopodaceae	<i>Rhizopus azygosporus</i> ²	
		Umbelopsidomycetes	Umbelopsidales	Umbelopsidaceae	<i>Umbelopsis brunnea</i> ⁸
					<i>Umbelopsis cf. brunnea</i> ⁸
	<i>Umbelopsis sp.</i> ⁸				
	Mortierellomycota	Mortierellomycetes	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella rishikeshi</i> ³
	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Didymellaceae	<i>Didymella cf. prosopidis</i> ⁶
			Cladosporiales	Cladosporiaceae	<i>Cladosporium sp.</i> ⁵
Sordariomycetes		Amphisphaerales	Pestalotiopsidaceae	<i>Pestalotiopsis sp.</i> ¹¹	

			Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Trichoderma atroviride</i> ⁷
					<i>Trichoderma sp.</i> ⁷
		Eurotiomycetes	Eurotiales	Aspergillaceae	<i>Penicillium cf. citreosulfuratum</i> ¹
					<i>Penicillium cf. citreonigrum</i>
					<i>Penicillium sp.</i> ⁹
					<i>Penicillium cf. expansum</i> ¹
	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	Pleurotaceae	<i>Pleurotus ostreatus</i> ⁴

Legende: Farben und dazugehörige Lebensweise

Saprophytisch	Zersetzen totes organisches Material
Parasitär	Zersetzen lebendes Pflanzenmaterial
Symbiotroph	Symbiotische Beziehung mit lebenden Organismen
Saprophytisch-symbiotroph	Sowohl saprophytisch als auch symbiotroph
Saprophytisch-parasitär	Sowohl saprophytisch als auch parasitär
Unbekannt	

Quellen: (Djokić et al., 2024; Gryganskyi et al., 2018; Guo et al., 2024; Kay & and Vilgalys, 1992; Li et al., 2024; Luo et al., 2024; Macías-Rodríguez et al., 2020; Muszewska et al., 2021; Pitt, 2014; Voigt et al., 2016; Wu et al., 2022).

Alle Gattungen, die mittels Barcoding gefunden wurden, wurden auch mit Metabarcoding nachgewiesen, mit Ausnahme der Gattung *Pestalotiopsis* (Anhang 12). 17 Gattungen wurden auf mehr als zwei Proben nachgewiesen (Tabelle 5). Von manchen Gattungen wurde nur eine einzelne Art gefunden. Dies sind die Arten *Coniophora puteana*, *Fuscoporia contigua*, *Kockovaella prillingeri*, *Niesslia exilis* und *Phaeostalagmus cyclosporus*.

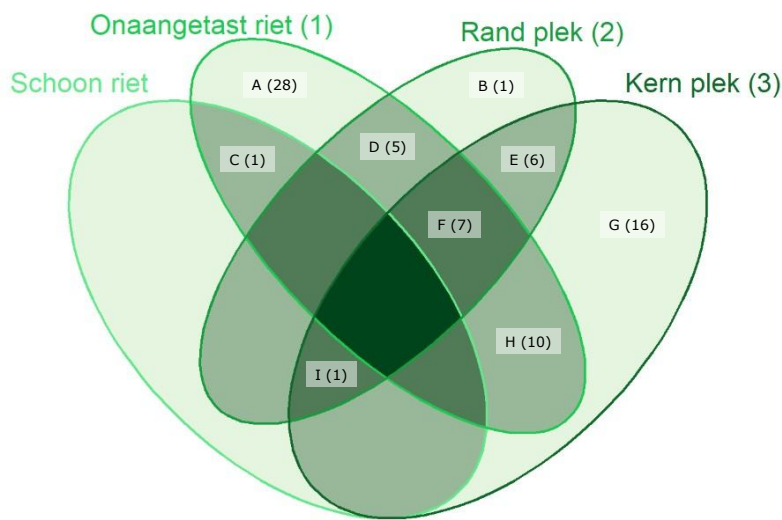
Tabelle 5: Gattungen, die mindestens dreimal mittels Metabarcoding auf dem Reet nachgewiesen wurden, einschließlich der Probenotypen, auf denen sie vorkamen. Dabei war Probenotyp 1 ungeschädigtes Reet, Probenotyp 2 Reet vom Rand des Schimmelflecks und Probenotyp 3 war Reet aus dem Kern des Schimmelflecks. „Neureet“ bezeichnet Reet, das nie auf einem Dach gelegen hat.

Gattung	Neureet	Ungeschädigtes Reet (1)	Rand des Schimmelflecks (2)	Kern des Schimmelflecks (3)
<i>Acremonium</i>				
<i>Aspergillus</i>				
<i>Coniochaeta</i>				
<i>Coniophora</i>				
<i>Fellomyces</i>				
<i>Fuscoporia</i>				
<i>Kockovaella</i>				

Mortierella				
Mucor				
Naganishia				
Niesslia				
Penicillium				
Phaeostalagmus				
Rhizopus				
Sordaria				
Trichoderma				
Umbelopsis				

3.7 Zusammensetzung der Schimmelpilzgattungen (Metabarcoding)

Von den beim Metabarcoding nachgewiesenen Gattungen wurden 28 ausschließlich auf ungeschädigtem Reet gefunden. Nur eine Gattung wurde ausschließlich am Rand eines Schimmelflecks nachgewiesen, und im Kern des Schimmelflecks wurden 16 Gattungen gefunden (Abbildung 22, Anhang 13).



Aantal overlappende monstertypen: 1 2 3 4

Abbildung 22: Venn-Diagramm mit den Gattungen pro Probentyp. Die Zahlen in Klammern bezeichnen die Probentypen. Die Farben zeigen die Anzahl der überlappenden Probentypen: die hellste Farbe entspricht einem Probentyp, die dunkelste allen vier Probentypen. Die Gruppen der Gattungen sind mit A bis I bezeichnet; die Anzahl der Gattungen innerhalb der jeweiligen Gruppe ist in Klammern angegeben.

Ungeschädigtes Reet und Reet aus dem Kern des Schimmelflecks unterscheiden sich signifikant ($p < 0,05$) in der Zusammensetzung der mittels Metabarcoding nachgewiesenen Schimmelpilzgattungen (Abbildung 23). Zwischen ungeschädigtem Reet und Reet vom Rand des Schimmelflecks sowie zwischen Reet vom Rand und aus dem Kern des Schimmelflecks wurden keine Unterschiede gefunden.

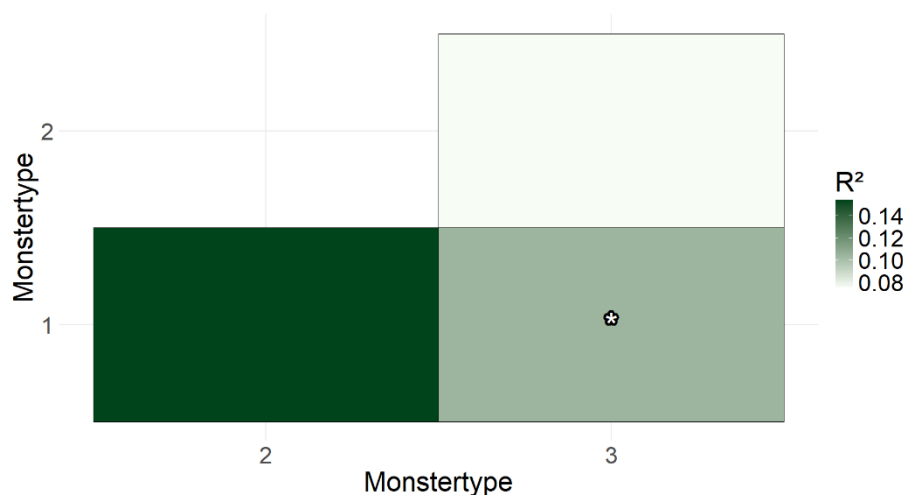


Abbildung 23: Heatmap der gefundenen Gattungen in den Probestypen. Ein Sternchen (*) kennzeichnet einen signifikanten Unterschied ($p < 0,05$). Höhere R^2 -Werte weisen auf größere Unterschiede in der Zusammensetzung der Gattungen zwischen den Dachtypen hin.

Es wurden keine signifikanten Unterschiede in der Zusammensetzung von Schimmelpilzgattungen zwischen gebundenen und geschraubten Dachtypen festgestellt. Auch zwischen den einzelnen Dächern wurden keine signifikanten Unterschiede gefunden (Abbildung 24).

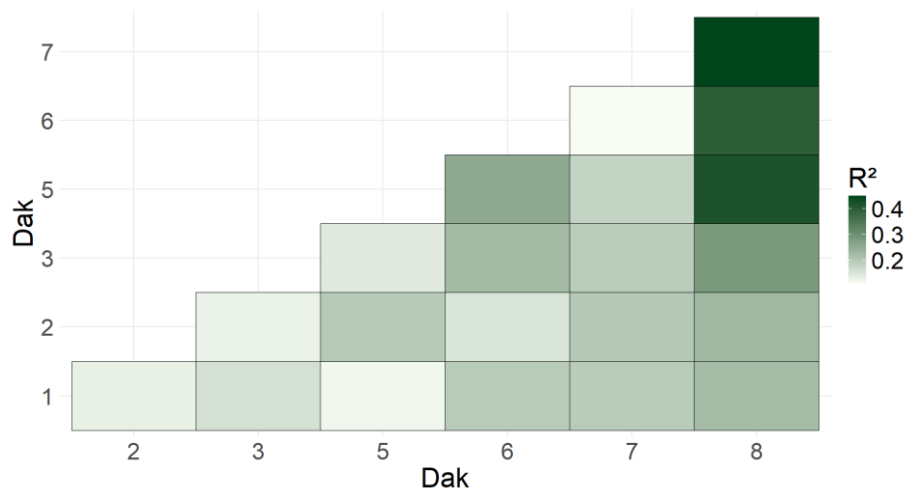


Abbildung 24: Heatmap der nachgewiesenen Gattungen auf den Dächern. Ein Sternchen (*) kennzeichnet einen signifikanten Unterschied ($p < 0,05$). Höhere R^2 -Werte weisen auf größere Unterschiede in der Zusammensetzung der Gattungen zwischen den Dachtypen hin.

3.8. Abbauvermögen der gefundenen Schimmelpilze

Didymella cf. prosopidis, *Pestalotiopsis* sp., *Trichoderma atroviride* sowie die positive Kontrolle *Pleurotus ostreatus* zeigten eine Verfärbung auf den Enzymplatten zum Ligninabbau (Abbildung 25). Bei den übrigen identifizierten Reinkulturen trat keine Verfärbung auf (Anhang 14). Die Enzymplatten zum Abbau von Cellulose und Hemicellulose zeigten keine Verfärbungen. Aus der Literatur geht hervor, dass die Gattungen *Mucor*, *Cladosporium*, *Pestalotiopsis*, *Trichoderma*, *Penicillium* und *Pleurotus*, die auch im Barcoding nachgewiesen wurden, Lignin und Hemicellulose abbauen können. Cellulose kann von denselben Gattungen sowie zusätzlich von *Rhizopus* abgebaut werden (Tabelle 6).

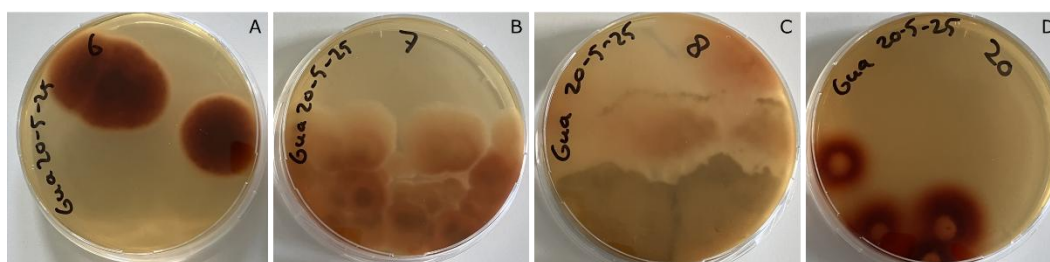


Abbildung 25: Enzymplatten mit Guaiacol zum Nachweis von Reinkulturen, die Lignin abbauen. Die rotbraune Verfärbung weist auf die Anwesenheit der entsprechenden Enzyme hin. Von links nach rechts: Reinkultur *Didymella cf. prosopidis* (A), *Pestalotiopsis* sp. (B), *Trichoderma atroviride* (C) und *Pleurotus ostreatus* (D). *Pleurotus ostreatus* ist die positive Kontrolle, der gewöhnliche Austernpilz.

Tabelle 6: Abbauvermögen der mittels Barcoding identifizierten Schimmelpilze, basierend auf Literaturangaben und den Ergebnissen der Enzymplatte für Ligninabbau. Wenn „Ja“ eingetragen ist, zeigen Literaturdaten oder die Ergebnisse dieser Studie, dass der Pilz den Stoff abbauen kann. Wenn „Nein“ eingetragen ist, geht daraus hervor, dass der Pilz den Stoff nicht abbauen kann. Wenn „-“ eingetragen ist, liegen hierzu keine Literaturangaben vor. Wenn „Möglich“ eingetragen ist, ist aus der Literatur bekannt, dass einige Arten innerhalb der Gattung den Stoff abbauen können; ob dies jedoch auch auf die untersuchte Reinkultur zutrifft, ist unklar.

Schimmelpilz	Lignin-Enzymplatte	Ligninabbau	Celluloseabbau	Hemicelluloseabbau	Quellen
<i>Mucor cf. brunneogriseus</i>	Nein	-	Ja	-	(Tallapragada, 2012)
<i>Mucor hiemalis</i>	Nein	Ja	Ja	Ja	(Al Mousa, Abo-Dahab, et al., 2022; Al Mousa, Hassane, et al., 2022;

					Kiiskinen et al., 2004)
<i>Mucor circinelloides</i>	Nein	Ja	Ja	Ja	(Al Mousa, Abo-Dahab, et al., 2022; Al Mousa, Hassane, et al., 2022; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Rhizopus azygosporus</i>	Nein	-	Ja	-	(Khoirunnisa et al., 2020)
<i>Umbelopsis brunnea</i>	Nein	-	-	-	
<i>Umbelopsis cf. brunnea</i>	Nein	-	-	-	
<i>Umbelopsis sp.</i>	Nein	-	-	-	
<i>Mortierella rishiksha</i>	Nein	-	-	-	
<i>Didymella cf. prosopidis</i>	Ja	-	-	-	
<i>Cladosporium sp.</i>	Nein	Möglich	Möglich	Möglich	(Bonugli-Santos et al., 2010; Hong et al., 2011; Zyani et al., 2009)
<i>Pestalotiopsis sp.</i>	Ja	Möglich	Möglich	Möglich	(Chen et al., 2011; Goukanapalle et al., 2020; Hao et al., 2007; Koh et al., 2021; Yadav et al., 2019)
<i>Trichoderma atroviride</i>	Ja	Ja	Ja	Ja	(Grigorevski-Lima et al., 2013; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Trichoderma sp.</i>	Nein	Möglich	Möglich	Möglich	(Grigorevski-Lima et al.,

					2013; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Penicillium cf. citreosulfuratum</i>	Nein	Ja	Nein	Ja	(Djokić et al., 2024)
<i>Penicillium cf. citreonigrum</i>	Nein	-	-	-	
<i>Penicillium sp.</i>	Nein	Möglich	Möglich	Möglich	(Djokić et al., 2024)
<i>Penicillium cf. expansum</i>	Nein	Ja	Ja	Ja	(Yang et al., 2009; Zyani et al., 2009)
<i>Pleurotus ostreatus</i>	Ja	Ja	Ja	Ja	(Fernández-Fueyo et al., 2016)

Für die mittels Metabarcoding nachgewiesenen Gattungen *Fellomyces*, *Kockovaella*, *Niesslia*, *Phaeostalagmus* und *Umbelopsis* wurde in der Literatur kein Nachweis dafür gefunden, ob sie in der Lage sind, Lignin, Cellulose oder Hemicellulose abzubauen (Tabelle 7). Für die Gattung *Fuscoporia* wurde kein direkter Nachweis gefunden, dass diese Schimmelpilze Lignin abbauen können; sie sind jedoch als Weißfäulepilze bekannt.

*Tabelle 7: Abbauvermögen der identifizierten Gattungen, die mindestens drei Mal mittels Metabarcoding nachgewiesen wurden – basierend auf Literaturangaben und den Ergebnissen der Enzymplatten für den Ligninabbau. Wenn „Ja“ eingetragen ist, zeigen Literaturdaten oder die Ergebnisse dieser Studie, dass der Pilz den Stoff abbauen kann. Wenn „Nein“ eingetragen ist, geht daraus hervor, dass der Pilz den Stoff nicht abbauen kann. Wenn „-“ eingetragen ist, liegen hierzu keine Literaturangaben vor. Gattungen mit * sind als schädigende Schimmelpilze bekannt, jedoch wurde keine Literatur zur Enzymproduktion gefunden.*

Gattung	Ligninabbau	Celluloseabbau	Hemicelluloseabbau	Quellen
<i>Acremonium</i>	Ja	Ja	Ja	(Iqlima et al., 2024; Kishishita et al., 2014)
<i>Aspergillus</i>	Ja	Ja	Ja	(Li et al., 2020; Richhariya et al., 2020; Tallapragada, 2012)
<i>Coniochaeta</i>	Ja	Ja	Ja	(Jiménez et al., 2020; Ravindran et al., 2012)

<i>Coniophora</i>	Ja	Ja	Ja	(Irbe et al., 2014; Lee et al., 2004)
<i>Fellomyces</i>	-	-	-	
<i>Fuscoporia*</i>	Möglich	Möglich	Möglich	(Kim et al., 2024; Palla et al., 2023)
<i>Kockovaella</i>	-	-	-	
<i>Mortierella</i>	Ja	Ja	Ja	(Lisov et al., 2021; Wang et al., 2022)
<i>Mucor</i>	Ja	Ja	Ja	(Al Mousa, Abo-Dahab, et al., 2022; Al Mousa, Hassane, et al., 2022; Kiiskinen et al., 2004; Tallapragada, 2012)
<i>Naganishia</i>	Ja	Ja	Ja	(Moodley & Botes, 2025; Morosoli et al., 1989; Wiśniewska et al., 2021)
<i>Niesslia</i>	-	-	-	
<i>Penicillium</i>	Ja	Ja	Ja	(Djokić et al., 2024; Yang et al., 2009; Zyani et al., 2009)
<i>Phaeostalagmus</i>	-	-	-	
<i>Rhizopus</i>	Ja	Ja	Ja	(Ezeilo et al., 2020; Khoirunnisa et al., 2020; More et al., 2011; Tian et al., 2019)
<i>Sordaria</i>	Ja	Ja	Ja	(Ansari et al., 2022; Chen et al., 2024; X. Yang et al., 2020)
<i>Trichoderma</i>	Ja	Ja	Ja	(Grigorevski-Lima et al., 2013; Kiiskinen et al., 2004)

<i>Umbelopsis</i>	-	-	-	
-------------------	---	---	---	--

3.9. Nachgewiesene Bakterientypen

Auf den ausgewählten Isolaten wurden vier verschiedene Bakterientypen gefunden. Grampositive Stäbchen traten am häufigsten auf, Gram-negative Kokken am seltensten (Abbildung 26). Bei einem Isolat handelte es sich nicht um ein Bakterium, sondern um einen Schimmelpilz (Tabelle 8).

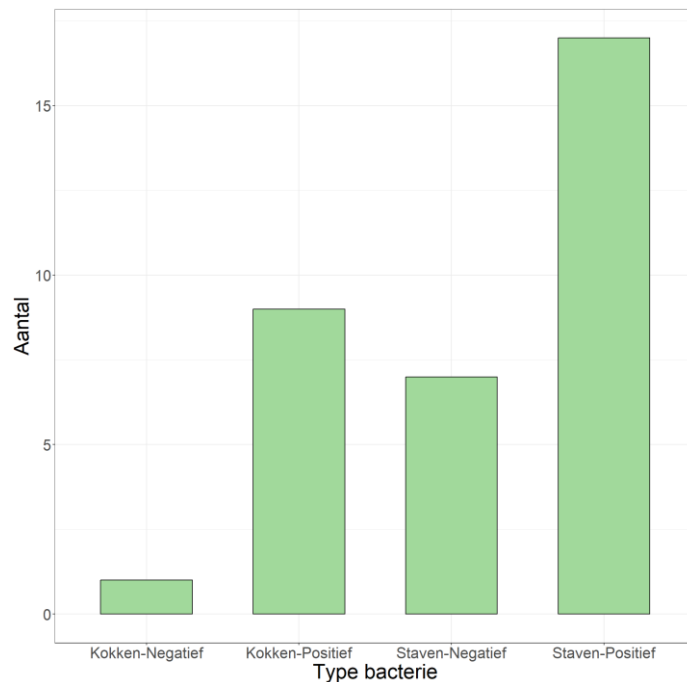


Abbildung 26: Die Anzahl der Bakterientypen handelte es sich nicht um ein Bakterium, sondern um einen Schimmelpilz (Tabelle 8).

Tabelle 8: Form- und Gram-Bestimmung der untersuchten Bakterien. Identifikationsnummer 4 war kein Bakterium, sondern ein Schimmelpilz.

Identifikationsnummer	Kategorie	Form	Gram-Ergebnis
1	12	Kokken	Positiv
2	12	Stäbchen	Positiv
3	13	Stäbchen	Positiv
4	14	-	-
5	15	Stäbchen	Positiv
6	16	Stäbchen	Positiv
7	17	Stäbchen	Positiv
8	17	Stäbchen	Positiv
9	17	Kokken	Positiv

10	17	Stäbchen	Positiv
11	18	Stäbchen	Positiv
12	19	Stäbchen	Positiv
13	19	Stäbchen	Positiv
14	20	Stäbchen	Negativ
15	20	Kokken	Positiv
16	21	Stäbchen	Positiv
17	21	Kokken	Positiv
18	21	Stäbchen	Positiv
19	22	Kokken	Positiv
20	22	Kokken	Positiv
21	23	Stäbchen	Positiv
22	23	Stäbchen	Positiv
23	24	Stäbchen	Positiv
24	24	Stäbchen	Positiv
25	25	Kokken	Positiv
26	25	Stäbchen	Negativ
27	25	Kokken	Negativ
28	25	Stäbchen	Positiv
29	26	Kokken	Positiv
30	27	Stäbchen	Negativ
31	27	Stäbchen	Negativ
32	28	Stäbchen	Negativ
33	28	Stäbchen	Negativ
34	29	Kokken	Positiv
35	29	Stäbchen	Negativ

4. Diskussion und Fazit

Diese Studie hat gezeigt, dass eine Gruppe von Weißfäulepilzen Reetdächer schädigt. Dabei ist eine Sukzession erkennbar: Einige Arten beginnen den Befall, während andere Arten ihn im weiteren Verlauf übernehmen. Die Schimmelflecken auf den Dächern enthalten gelb/orangefarbenes Myzel und Fruchtkörper, sehr wahrscheinlich vom Weißfäulepilz *Fuscoporia contigua*. Der Befall durch Schimmelpilze führt zu einer Verringerung der Stabilität des Reets.

Die Zusammensetzung der Schimmelpilze und die äußeren Merkmale des Reets zeigten deutliche Unterschiede, je stärker der Befall zunahm. Auf ungeschädigtem Reet wurde eine größere Diversität an einzigartigen Pilzgattungen gefunden als im Kern eines Schimmelflecks (28 bzw. 16 einzigartige Gattungen). Zehn Gattungen und vier Arten kamen sowohl auf ungeschädigtem Reet als auch im Kern von Schimmelflecken vor; sieben Gattungen wurden zudem am Rand eines Schimmelflecks nachgewiesen. Auf ungeschädigtem Reet wurden Schimmelpilzarten gefunden, die Lignocellulose (Lignin, Cellulose und Hemicellulose) abbauen können. Auch das Erscheinungsbild des Reets veränderte sich mit zunehmender Schädigung sichtbar: Fruchtkörper traten ausschließlich im Kern der Schimmelflecken auf, während Flaum und mikroskopische Stachelstrukturen sowohl im Randbereich als auch im Kern vorkamen. Geschädigtes Reet zeigte eine weiße, faserige Struktur, die stark vom festen, gelbfarbigen Reet der ungeschädigten Dachbereiche abwich. Sporen wurden auf allen Bereichen der Dächer nachgewiesen; Die Stabilität des Reets nahm mit zunehmender Schädigung ab: Reet aus dem Kern eines Schimmelflecks erwies sich als deutlich weniger stabil als Reet aus ungeschädigten Dachbereichen.

Die Schimmelpilzdiversität unterschied sich zwischen ungeschädigtem Reet und dem Kern eines Schimmelflecks. Insgesamt wurden auf den Dächern sowie auf Neureet (das nicht auf einem Dach gelegen hat) siebzehn Schimmelpilzgattungen und -arten aus Reinkulturen mithilfe von Barcoding identifiziert. Acht dieser Gattungen und Arten waren (zum Teil) in der Lage, Lignocellulose abzubauen. Auf dem ungeschädigten Reet wurden alle siebzehn Schimmelpilzarten nachgewiesen. Basierend auf Literatur und den Ergebnissen der Enzymplatten wurde festgestellt, dass sechs der gefundenen Arten zu den Weißfäulepilzen (Abbau von Lignocellulose) und zwei zu den Braunfäulepilzen (Abbau nur von Cellulose und Hemicellulose) gehören (Goodell et al., 2008; Goud et al., 2011; Schwarze, 2007). Die Enzymplatten für Lignin lieferten klare Ergebnisse mit der positiven Kontrolle und den getesteten Reinkulturen; die beiden anderen Enzymtests zeigten jedoch keine Reaktionen. Um beim Barcoding möglichst viele Informationen zu erhalten, wurde die Verwendung ausgerichteter Sequenzen gewählt. Die Genauigkeit der Identifizierung könnte beeinträchtigt sein, da die Entscheidung getroffen wurde, die Primer in den ausgerichteten Sequenzen zu belassen. Durch den Erhalt der Primer-Sequenzen konnte jedoch ein Informationsverlust vermieden werden (MacManes, 2014; Mohsen et al., 2019).

Alle Gattungen, die mittels Barcoding identifiziert wurden, enthielten Arten, die Lignocellulose abbauen können (Bonugli-Santos et al., 2010; Goukanapalle et al., 2020; Grigorevski-Lima et al., 2013; Hong et al., 2011; Kiiskinen et al., 2004; Koh et al., 2021; Wang et al., 2012; Yang et al., 2009; Zyani et al., 2009). Zwei dieser Arten wurden ausschließlich auf ungeschädigtem Reet nachgewiesen: *Didymella* cf. *prosopidis* und *Pestalotiopsis* sp. Die Gattung *Pestalotiopsis* umfasst Arten, die Hemicellulose, Lignin oder Cellulose abbauen können (Goukanapalle et al., 2020; Hong et al., 2011; Koh et al., 2021). Die Abbaukapazität von *D.* cf. *prosopidis* ist in der Literatur nicht beschrieben; andere Arten (*D. bryoniae* und *Didymella* spp.) sind jedoch für ihre Fähigkeit bekannt, Lignocellulose abzubauen. In dieser Studie wurden mithilfe von Enzymplatten, die den Ligninabbau nachweisen, gezeigt, dass die isolierte *D.* cf. *prosopidis* Lignin abbauen kann. Die Mehrheit der gefundenen Schimmelpilze lebt saprophytisch, das heißt, sie zersetzen in der Natur totes Pflanzenmaterial.

Von den mit Metabarcoding identifizierten Gattungen wurden siebzehn Gattungen mindestens drei Mal nachgewiesen. Zwölf dieser Gattungen sind in der Lage, Lignocellulose abzubauen. Keine der Gattungen, die nur auf ungeschädigtem Reet oder ausschließlich im Kern eines Schimmelflecks vorkamen, sind Reet-schädigende Schimmelpilze. Alle Gattungen, mit Ausnahme von *Aspergillus*, wurden im Kern eines Schimmelflecks nachgewiesen. *Aspergillus* war nur auf Neureet oder auf ungeschädigtem Reet vorhanden. Die Gattung *Acremonium* wurde ausschließlich am Rand und im Kern eines Schimmelflecks gefunden. Auf Neureet wurde auch die Gattung *Fuscoporia*, genauer *Fuscoporia contigua*, nachgewiesen. Einige Gattungen wurden mindestens dreimal auf ungeschädigtem Reet und im Kern eines Schimmelflecks gefunden, nicht jedoch am Rand. Dies lässt sich dadurch erklären, dass nur drei Proben vom Rand verfügbar waren. Zwei der schädigenden Gattungen produzieren Fruchtkörper: *Coniophora puteana* und *Fuscoporia contigua* (NDFP Verbreitungsatlas, z.d.). *F. contigua* bildet weiß- bis braun gefärbtes Myzel mit zahlreichen Setae (stachelförmigen Zellen) und braunen Fruchtkörpern mit vielen Poren. (Huckfeldt & Schmidt, 2006; Naturalis Biodiversity Center, z.d.).

Auf Reet aus dem Kern von Schimmelflecken wurden entsprechende Fruchtkörper gefunden, Diese Fruchtkörper waren braun gefärbt und wiesen zahlreiche Poren auf. Außerdem wurde sowohl im Kern als auch am Rand der Schimmelflecken gelb/orangefarbener Flaum nachgewiesen. An allen Dachbereichen wurden Sporen gefunden. Diese Sporen waren auf Neureet, das noch nicht auf einem Dach gelegen hat, nicht vorhanden. Sowohl die Fruchtkörper als auch der Flaum enthielten zahlreiche Setae, die häufig bei holzabbauenden Schimmelpilzen vorkommen (Pinho et al., 2012; Polemis et al., 2013; Silveira et al., 2008). Es ist sehr wahrscheinlich, dass die Fruchtkörper und der Flaum (Myzel) von *F. contigua*, einem bekannten Weißfäulepilz, stammen (Kim et al., 2024; Palla et al., 2023; Rijksdienst voor het Cultureel Erfgoed, 2024). Reet aus dem Kern und vom Rand der Schimmelflecken zeigte eine weiche, faserige Struktur und eine weiße Färbung. Dies sind typische Symptome für eine

Schädigung durch Weißfäulepilze (Goodell et al., 2008; Goud et al., 2011; Martínez et al., 2005). Auf fast allen Dächern wurde diese Struktur und somit Weißfäule festgestellt.

Nicht geschädigtes Reet war stabiler als geschädigtes Reet. Der Grund dafür kann sein, dass die Schädigung die Lignocellulose im Reet abbaut. Lignocellulose befindet sich in den Zellwänden und spielt eine große Rolle für die Stabilität des Pflanzenmaterials (Somerville et al., 2004). Wenn sie (teilweise) zerstört wird, verliert das Material seine Festigkeit und gibt dem Druck leichter nach. Zwischen den Dächern wurden ebenfalls Unterschiede in der Stabilität festgestellt. Diese können durch Einflüsse von Sonne, Schatten und das Alter des Reets bedingt sein. Neureet, das zum Verlegen auf dem Dach geliefert wurde, war relativ weich. Nach einiger Zeit im Trockenofen wurde dieses Reet stabiler. Dies entspricht den Ergebnissen einer anderen Studie, in der gezeigt wurde, dass das Trocknen von Reet die Stabilität erhöht, solange die Temperatur nicht zu hoch ist (Doddall et al., 2015). Die Unterschiede in der Stabilität lassen sich dadurch erklären, dass das Reet möglicherweise noch nicht vollständig getrocknet war und daher flexibler blieb. Nach dem Entzug der Restfeuchtigkeit wurde das Reet härter und weniger flexibel. Von einigen Dächern lagen nur Proben aus dem Kern eines Schimmelflecks vor, sodass von diesen Dächern kein ungeschädigtes Material analysiert werden konnte. Von einem Dach war zudem zu wenig Material vorhanden, um die Stabilität zu bestimmen.

Es gab Unterschiede in der Zusammensetzung der Schimmelpilze zwischen den verschiedenen Probenotypen. So enthielt ungeschädigtes Reet zwei Schaderreger, (*D. cf. prosopidis* und *Pestalotiopsis* sp.), die in den anderen Proben nicht gefunden wurden. Der Schaderreger *Aspergillus* wurde nur auf Neureet und auf ungeschädigtem Reet nachgewiesen. Der Schaderreger *Acremonium* kam dagegen nur in Schimmelflecken vor. Dies lässt sich durch einen Sukzessionsprozess erklären, bei dem einige Arten eine primäre Rolle bei der Schädigung spielen, die danach von anderen Arten übernommen wird. Auf ungeschädigtem Reet wurden Arten nachgewiesen, die Lignocellulose zersetzen können, dies aber noch nicht sichtbar getan hatten. Möglicherweise benötigen Schimmelpilze einen Startpunkt, um mit der Zersetzung zu beginnen.

Lignin, ein Bestandteil der pflanzlichen Zellwände, ist in der Lage, Licht mit kurzen Wellenlängen wie ultraviolettes Licht (UV) zu absorbieren (Somerville et al., 2004; Wu et al., 2024). Dadurch bietet es einen teilweisen Schutz vor dem Abbau von Cellulose und Hemicellulose. Lignin selbst ist jedoch sehr anfällig für UV-induzierten Abbau (Bosman, 1985; Cogulet et al., 2016). Die Schädigung von holzartigem Material unter dem UV-Einfluss zeigt sich als graue Verfärbung und langsame Erosion der Deckschicht (Berdahl et al., 2008). Dies könnte der Startpunkt für Schimmelpilze sein, die Lignocellulose abbauen (Goodell et al., 2008; Martínez et al., 2005). Obwohl experimentelle Belege fehlen, ist anzunehmen, dass UV-Schäden und Schimmelbefall einander verstärken (Buchner, 2021).

Primäre Schaderreger wie *D. cf. prosopidis*, *Pestalotiopsis* sp. und *Aspergillus* spp., die nur in den frühen Stadien der Schädigung vorkommen, können in einem späteren Stadium von anderen

Schimmelpilzen wie *Acremonium* verdrängt werden. Dadurch sind die ursprünglichen Schaderreger z. B. im Kern eines Schimmelflecks, wo die Sukzession stattgefunden hat, nicht mehr nachweisbar. Wenn Lignin erst durch Sonneneinstrahlung und Schimmelaktivität geschädigt wurde, werden Cellulose und Hemicellulose besser zugänglich (Bosman, 1985; Cogulet et al., 2016). Es ist anzunehmen, dass Schimmelpilze Cellulose und Hemicellulose erst abbauen, nachdem diese durch primäre Schaderreger und abiotischen Abbau freigelegt wurden. Sie gehören somit vermutlich zu einem späteren Stadium der Schädigung. Ein Beispiel ist *Rhizopus azygosporus*, der in der Lage ist, Cellulose zu zersetzen (Khoirunnisa et al., 2020). Da dieser Schimmelpilz auf Reet ohne sichtbare Schädigung als auch im Kern eines stark geschädigten Schimmelflecks vorkommt, kann angenommen werden, dass er das Reet erst abbaut, nachdem andere Schimmelpilze durch den Ligninabbau die Cellulose freigelegt haben. Dieser Schimmelpilz spielt somit erst im späteren Verlauf des Sukzessionsprozesses eine zersetzende Rolle.

Alle gefundenen Reet-Schaderreger kommen natürlicherweise in den Niederlanden vor. Dies gilt auch für einen Großteil der nachgewiesenen Arten (Naturalis Biodiversity Center et al., z.d.). Wenn diese Schimmelpilze Sporen bilden, können diese über den Wind verteilt werden und auf Reetdächern landen. Mit Ausnahme von den vier Gattungen (*Coniochaeta*, *Coniophora*, *Fuscoporia* und *Sordaria*) können alle schädigenden Gattungen auf frischem, noch nicht geerntetem Reet vorkommen. Daher ist es möglich, dass die Schimmelpilze bereits auf dem Reet vorhanden sind, bevor es auf dem Dach verlegt wird (Khalmuratova et al., 2021; Neubert, 2005; Van Ryckegem et al., 2007; Voronin et al., 2021). Es kann somit sein, dass Reetdachdecker Reet verwenden, das bereits befallen ist. Wenn dies nicht der Fall ist, kann der Befall problemlos über in der Natur vorkommende Schimmelpilze entstehen. Es ist derzeit nicht bekannt, ob und wie ein Befall des Reets mit schädigenden Schimmelpilzen verhindert werden kann. Folgestudien könnten hierzu weitere Erkenntnisse liefern.

Die Schädigung von Reetdächern wird hauptsächlich von mehreren Arten von Weißfäulepilzen wie *F. contigua* verursacht. Einige schädigende Schimmelpilzarten kommen nur auf Neureet und auf ungeschädigten Dachbereichen vor, andere Arten nur auf geschädigten Bereichen. Braunfäulepilze und einige Weißfäulepilze scheinen erst in einem späteren Stadium der Schädigung eine Rolle zu spielen. Es ist anzunehmen, dass einige Weißfäulepilze wie *Didymella cf. prosopidis*, *Pestalotiopsis* sp. und *Aspergillus* spp. die Schädigung einleiten. Möglicherweise trägt dabei auch UV-Schädigung zur Initiierung bei. Anschließend übernehmen andere Schimmelpilze im Sukzessionsprozess die Schädigung, während die primären Schaderreger verschwinden. Um mehr Klarheit über das tatsächliche Abbauvermögen der gefundenen Schimmelpilze zu gewinnen, können Enzymassays durchgeführt werden, mit denen die Menge der ausgeschiedenen Enzyme bestimmt werden kann. Methoden zur Vermeidung von Schädigungen können in weiteren Studien erforscht werden. Es ist möglich, dass Schimmelpilze, die natürlicherweise in den Niederlanden vorkommen, in den letzten Jahren aufgrund eines veränderten Klimas mehr Schaden anrichten. Dies könnte in einer Folgestudie untersucht werden.

Literaturverzeichnis

- Ágoston-Szabó, E., & Dinka, M. (2008). Decomposition of *Typha angustifolia* and *Phragmites australis* in the littoral zone of a shallow lake. *Biologia*, 63(6), 1104-1110. <https://doi.org/10.2478/s11756-008-0154-4>
- Al Mousa, A. A., Abo-Dahab, N. F., Hassane, A. M. A., Gomaa, A. E.-R. F., Aljuriss, J. A., & Dahmash, N. D. (2022). Harnessing *Mucor* spp. for xylanase production: statistical optimization in submerged fermentation using agro-industrial wastes. *BioMed Research International*, 2022, 3816010. <https://doi.org/10.1155/2022/3816010>
- Al Mousa, A. A., Hassane, A. M. A., Gomaa, A. E.-R. F., Aljuriss, J. A., Dahmash, N. D., & Abo-Dahab, N. F. (2022). Response-surface statistical optimization of submerged fermentation for pectinase and cellulase production by *Mucor circinelloides* and *M. hiemalis*. *Fermentation*, 8(5), Article 5. <https://doi.org/10.3390/fermentation8050205>
- Ang, T. N., Ngoh, G. C., & Chua, A. S. M. (2011). A quantitative method for fungal ligninolytic enzyme screening studies. *Asia-Pacific Journal of Chemical Engineering*, 6(4), 589-595. <https://doi.org/10.1002/apj.451>
- Ansari, W. Z., Kayani, A. I., Khan, A., Khan, A. M., Shahid, S., Shahzadi, Z., & Mukhtar, H. (2022). Evaluation of extracellular cellulolytic potential of selected natural strains of a novel fungus *Sordaria fimicola* isolated from evolutionary canyon under submerged fermentation. *Nova Biotechnologica et Chimica*, e1319. <https://doi.org/10.36547/nbc.1319>
- Arantes, V., & Goodell, B. (2014). Current understanding of brown-rot fungal biodegradation mechanisms: A review. *Deterioration and Protection of Sustainable Biomaterials*, 1158, 3-21. <https://doi.org/10.1021/bk-2014-1158.ch001>
- Baldrian, P., Kolařík, M., Stursová, M., Kopecký, J., Valášková, V., Větrovský, T., Zifčáková, L., Snajdr, J., Řídl, J., Vlček, C., & Voříšková, J. (2012). Active and total microbial communities in forest soil are largely different and highly stratified during decomposition. *The ISME Journal*, 6(2), 248-258. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.95>
- Berdahl, P., Akbari, H., Levinson, R., & Miller, W. A. (2008). Weathering of roofing materials – An overview. *Construction and Building Materials*, 22(4), 423-433. <https://doi.org/10.1016/j.conbuildmat.2006.10.015>
- Bilgili, M., & Tokmakci, M. (2025). Climate change and trends in Europe and globally over the period 1970–2023. *Physics and Chemistry of the Earth*, 139, 103928. <https://doi.org/10.1016/j.pce.2025.103928>
- Bonugli-Santos, R. C., Durrant, L. R., da Silva, M., & Sette, L. D. (2010). Production of laccase, manganese peroxidase and lignin peroxidase by Brazilian marine-derived fungi. *Enzyme and Microbial Technology*, 46(1), 32-37. <https://doi.org/10.1016/j.enzmictec.2009.07.014>
- Bosman, M. T. M. (1985). Some effects of decay and weathering on the anatomical structure of the stem of *Phragmites Australis* Trin. Ex Steud. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000929>

- Buchner, J. (2021). Do biotic and abiotic factors combine to affect the weathering of wood in use class 3? [Dissertation, École centrale de Nantes]. <https://theses.hal.science/tel-03462866>
- Chen, H.-Y., Xue, D.-S., Feng, X.-Y., & Yao, S.-J. (2011). Screening and production of ligninolytic enzyme by a marine-derived fungal *Pestalotiopsis* sp. J63. *Applied Biochemistry & Biotechnology*, 165(7/8), 1754-1769. <https://doi.org/10.1007/s12010-011-9392-y>
- Chen, X., Zhang, X., Zhao, X., Zhang, P., Long, L., & Ding, S. (2024). A novel cellulolytic/xylanolytic SbAA14 from *Sordaria brevicollis* with a branched chain preference and its synergistic effects with glycoside hydrolases on lignocellulose. *International Journal of Biological Macromolecules*, 260, 129504. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.129504>
- Cogulet, A., Blanchet, P., & Landry, V. (2016). Wood degradation under UV irradiation: A lignin characterization. *Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology*, 158, 184-191. <https://doi.org/10.1016/j.jphotobiol.2016.02.030>
- Djokić, I., Knežević, A., Savković, Ž., Ljaljević Grbić, M., Dimkić, I., Bukvički, D., Gavrilović, D., & Unković, N. (2024). Characterization of culturable mycobiome of newly excavated ancient wooden vessels from the archeological site of Viminacium, Serbia. *Journal of Fungi*, 10(5), Article 5. <https://doi.org/10.3390/jof10050343>
- Dosdall, R., Hahn, V., Preuß, F., Kreisel, H., Miersch, J., & Schauer, F. (2014). Characterization of fungi of the genus *Mycena* isolated from houses thatched with *Phragmites communis* Trin. in Northern Germany: Enzyme pattern and reed decay. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 96, 174-180. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2014.09.012>
- Dosdall, R., Jülich, W.-D., & Schauer, F. (2015). Impact of heat treatment of the water reed *Phragmites communis* Trin. Used for thatching on its stability, elasticity and resistance to fungal decomposition. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 103, 85-90. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2015.04.013>
- Eurofins Genomics. (o. J.-a). DNA Barcoding Services. Abgerufen am 13. Mai 2025 von <https://eurofinsgenomics.eu/en/genotyping-gene-expression/applied-genomics-services/dna-barcoding/>
- Eurofins Genomics. (o. J.-b). INVIEW Microbiome Profiling. Abgerufen am 13. Mai 2025 von <https://eurofinsgenomics.eu/en/next-generation-sequencing/ngs-built-for-you/inview-microbiome/>
- Ezeilo, U. R., Wahab, R. A., & Mahat, N. A. (2020). Optimization studies on cellulase and xylanase production by *Rhizopus oryzae* UC2 using raw oil palm frond leaves as substrate under solid state fermentation. *Renewable Energy*, 156, 1301-1312. <https://doi.org/10.1016/j.renene.2019.11.149>
- Fajarningsih, N. D. (2016). Internal Transcribed Spacer (ITS) as DNA barcoding to identify fungal species: A review. *Squalen Bulletin of Marine and Fisheries Postharvest and Biotechnology*, 11(2), 37. <https://doi.org/10.15578/squalen.v11i2.213>
- Fernández-Fueyo, E., Ruiz-Dueñas, F. J., López-Lucendo, M. F., Pérez-Boada, M., Rencoret, J., Gutiérrez, A., Pisabarro, A. G., Ramírez, L., & Martínez, A. T. (2016). A secretomic view of woody and nonwoody lignocellulose degradation by *Pleurotus ostreatus*. *Biotechnology for Biofuels*, 9, 49. <https://doi.org/10.1186/s13068-016-0462-9>

- Gautam, A.K., Verma, R.K., Avasthi, S., Sushma, Bohra, Y., Devadatha, B., Niranjana, M., & Suwannahar, N. (2022). Current insight into traditional and modern methods in fungal diversity estimates. *Journal of Fungi*, 8, 226. <https://doi.org/10.3390/jof8030226>
- Gohel, H., Contractor, C., Ghosh, S., & Braganza, V. (2014). A comparative study of various staining techniques for determination of extra cellular cellulase activity on Carboxy Methyl Cellulose (CMC) agar plates. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 3(5), 261-266.
- Goodell, B., Qian, Y., & Jellison, J. (2008). Fungal decay of wood: Soft rot—brown rot—white rot. *American Chemical Society*, 982, 9-31. <https://doi.org/10.1021/bk-2008-0982.ch002>
- Goud, J. V. S., Bindu, N. S. V. S. S. L. H., Samatha, B., Prasad, M. R., & Charya, M. A. S. (2011). Lignolytic enzyme activities of wood decaying fungi from Andhra Pradesh. *Journal of the Indian Academy of Wood Science*, 8(1), 26-31. <https://doi.org/10.1007/s13196-011-0019-2>
- Goukanapalle, P. K. R., Kanderi, D. K., Rajoji, G., Shanthi Kumari, B. S., & Bontha, R. R. (2020). Optimization of cellulase production by a novel endophytic fungus *Pestalotiopsis microspora* TKBR isolated from Thalakona forest. *Cellulose*, 27(11), 6299-6316. <https://doi.org/10.1007/s10570-020-03220-8>
- Grigorevski-Lima, A. L., de Oliveira, M. M. Q., do Nascimento, R. P., Bon, E. P. da S., & Coelho, R. R. R. (2013). Production and partial characterization of cellulases and Xylanases from *Trichoderma atroviride* 676 using lignocellulosic residual biomass. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 169(4), 1373-1385. <https://doi.org/10.1007/s12010-012-0053-6>
- Gryganskyi, A. P., Golan, J., Dolatabadi, S., Mondo, S., Robb, S., Idnurm, A., Muszewska, A., Steczkiewicz, K., Masonjones, S., Liao, H.-L., Gajdeczka, M. T., Anike, F., Vuck, A., Anishchenko, I. M., Voigt, K., de Hoog, G. S., Smith, M. E., Heitman, J., Vilgalys, R., & Stajich, J. E. (2018). Phylogenetic and phylogenomic definition of *Rhizopus* species. *G3: Genes|Genomes|Genetics*, 8(6), 2007-2018. <https://doi.org/10.1534/g3.118.200235>
- Guo, J., Ning, H., Li, Y., Xu, Q., Shen, Q., Ling, N., & Guo, S. (2024). Assemblages of rhizospheric and root endospheric mycobiota and their ecological associations with functional traits of rice. *American Society for Microbiology*, 15(3), e02733-23. <https://doi.org/10.1128/mbio.02733-23>
- Hao, J., Song, F., Huang, F., Yang, C., Zhang, Z., Zheng, Y., & Tian, X. (2007). Production of laccase by a newly isolated deuteromycete fungus *Pestalotiopsis* sp. and its decolorization of azo dye. *Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology*, 34(3), 233-240. <https://doi.org/10.1007/s10295-006-0191-3>
- Haslam, S. M. (1989). Early decay of *Phragmites* thatch: An outline of the problem. *Aquatic Botany*, 35(1), 129-132. [https://doi.org/10.1016/0304-3770\(89\)90073-9](https://doi.org/10.1016/0304-3770(89)90073-9)
- Hofmann, K., Kreisel, H., Kordon, K., Preuss, F., Kües, U., & Schauer, F. (2016). The key role of lignin decomposing fungi in the decay of roofs thatched with water reed. *Mycological Progress*, 15(4), 1-7. <https://doi.org/10.1007/s11557-016-1181-0>
- Hong, J.-Y., Kim, Y.-H., Jung, M.-H., Jo, C.-W., & Choi, J.-E. (2011). Characterization of xylanase of *Cladosporium cladosporioides* H1 isolated from Janggyeong Panjeon in Haeinsa Temple. *Mycobiology*, 39(4), 306-309. <https://doi.org/10.5941/MYCO.2011.39.4.306>

- Huckfeldt, T., & Schmidt, O. (2006). Identification key for European strand-forming house-rot fungi. *Mycologist*, 20(2), 42-56. <https://doi.org/10.1016/j.mycol.2006.03.012>
- Iqlima, A., Mansyur, Negara, W., Roswanjaya, Y. P., Putri, E. M., Gopar, R. A., Prastiwi, H. A., Purba, R. D., Negoro, P. S., Khan, F. A., & Krisbudiman, A. (2024). Isolation and identification of lignin cellulolytic fungi from oil palm empty fruit bunches and the soil around palm trees in South Kalimantan, Indonesia. *International Journal of Agriculture and Biosciences*, 13(2), 172-180. <https://doi.org/10.47278/journal.ijab/2024.100>
- Irbe, I., Elisashvili, V., Asatiani, M. D., Janberga, A., Andersone, I., Andersons, B., Biziks, V., & Grinins, J. (2014). Lignocellulolytic activity of *Coniophora puteana* and *Trametes versicolor* in fermentation of wheat bran and decay of hydrothermally modified hardwoods. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 86, 71-78. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2013.06.027>
- Jiménez, D. J., Wang, Y., Chaib de Mares, M., Cortes-Tolalpa, L., Mertens, J. A., Hector, R. E., Lin, J., Johnson, J., Lipzen, A., Barry, K., Mondo, S. J., Grigoriev, I. V., Nichols, N. N., & van Elsas, J. D. (2020). Defining the eco-enzymological role of the fungal strain *Coniochaeta* sp. 2T2.1 in a tripartite lignocellulolytic microbial consortium. *FEMS Microbiology Ecology*, 96(1). <https://doi.org/10.1093/femsec/fiz186>
- Kay, E., & and Vilgalys, R. (1992). Spatial Distribution and genetic relationships among individuals in a natural population of the oyster mushroom *Pleurotus Ostreatus*. *Mycologia*, 84(2), 173-182. <https://doi.org/10.1080/00275514.1992.12026124>
- Khalmuratova, I., Choi, D.-H., Kim, J.-G., & Lee, I.-S. (2021). Endophytic fungi of salt-tolerant plants: Diversity and ability to promote plant growth. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 31(11), 1526-1532. <https://doi.org/10.4014/jmb.2106.06007>
- Khoirunnisa, S. A., Oetari, A., & Sjamsuridzal, W. (2020). Carboxymethyl cellulose (CMC)-degrading ability of *Rhizopus azygosporus* UICC 539 at various temperatures. *AIP Conference Proceedings*, 2242, 050024. <https://doi.org/10.1063/5.0007875>
- Kiiskinen, L.-L., Rättö, M., & Kruus, K. (2004). Screening for novel laccase-producing microbes. *Journal of Applied Microbiology*, 97(3), 640-646. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2004.02348.x>
- Kim, D., Cho, Y., & and Lim, Y. W. (2024). Taxonomic re-evaluation of the genus *Fuscoporia* in the Republic of Korea including three unrecorded species. *Mycobiology*, 52(4), 236-249. <https://doi.org/10.1080/12298093.2024.2378565>
- Kishishita, S., Yoshimi, M., Fujii, T., Taylor, L. E., Decker, S. R., Ishikawa, K., & Inoue, H. (2014). Cellulose-inducible xylanase Xyl10A from *Acremonium cellulolyticus*: Purification, cloning and homologous expression. *Protein Expression and Purification*, 94, 40-45. <https://doi.org/10.1016/j.pep.2013.10.020>
- Koh, S., Mizuno, M., Izuoka, Y., Fujino, N., Hamada-Sato, N., & Amano, Y. (2021). Xylanase from marine filamentous fungus *Pestalotiopsis* sp. AN-7 was activated with diluted salt solution like brackish water. *Journal of Applied Glycoscience*, 68(1), 11-18. https://doi.org/10.5458/jag.jag.JAG-2020_0011

- Lee, K. H., Wi, S. G., Singh, A., & Kim, Y. (2004). Micromorphological characteristics of decayed wood and laccase produced by the brown-rot fungus *Coniophora puteana*. The Japan Wood Research Society, 50, 281-284. <https://doi.org/10.1007/s10086-003-0558-2>
- Leonowicz, A., Matuszewska, A., Luterek, J., Ziegenhagen, D., Wojtaś-Wasilewska, M., Cho, N.-S., Hofrichter, M., & Rogalski, J. (1999). Biodegradation of lignin by white rot fungi. Fungal Genetics and Biology, 27(2), 175-185. <https://doi.org/10.1006/fgbi.1999.1150>
- Li, S. F., Wang, H., Chen, J. L., Zhu, H. X., Yao, R.-S., & Wu, H. (2020). Degradation and transformation of lignin by a fungus *Aspergillus Flavus* Strain F-1. Iranian Journal of Biotechnology, 18(3), e2461. <https://doi.org/10.30498/IJB.2020.155690.2461>
- Li, Y., Wang, Y., Wang, H., Shi, T., & Wang, B. (2024). The genus *Cladosporium*: A prospective producer of natural products. International Journal of Molecular Sciences, 25(3), 1652. <https://doi.org/10.3390/ijms25031652>
- Lisov, A., Belova, O., Zavarzina, A., Konstantinov, A., & Leontievsky, A. (2021). The role of laccase from Zygomycetous fungus *Mortierella elasson* in humic acids degradation. Agronomy, 11, 2169. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112169>
- Luo, X., Hu, Y., Xia, J., Zhang, K., Ma, L., Xu, Z., & Ma, J. (2024). Morphological and phylogenetic analyses reveal three new species of *Didymella* (Didymellaceae, Pleosporales) from Jiangxi, China. Journal of Fungi, 10(1), 75. <https://doi.org/10.3390/jof10010075>
- Macías-Rodríguez, L., Contreras-Cornejo, H. A., Adame-Garnica, S. G., del-Val, E., & Larsen, J. (2020). The interactions of *Trichoderma* at multiple trophic levels: Inter-kingdom communication. Microbiological Research, 240, 126552. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126552>
- MacManes, M. D. (2014). On the optimal trimming of high-throughput mRNA sequence data. Frontiers in Genetics, 5, 13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00013>
- Martínez, Á. T., Speranza, M., Ruiz-Dueñas, F. J., Ferreira, P., Camarero, S., Guillén, F., Martínez, M. J., Gutiérrez Suárez, A., & Río Andrade, J. C. del. (2005). Biodegradation of lignocellulosics: Microbial, chemical, and enzymatic aspects of the fungal attack of lignin. International Microbiology, 8, 195-204. <https://doi.org/10.13039/501100008743>
- Mohsen, A., Park, J., Chen, Y.-A., Kawashima, H., & Mizuguchi, K. (2019). Impact of quality trimming on the efficiency of reads joining and diversity analysis of Illumina paired-end reads in the context of QIIME1 and QIIME2 microbiome analysis frameworks. BMC Bioinformatics, 20(1), 581. <https://doi.org/10.1186/s12859-019-3187-5>
- Moodley, D., & Botes, A. (2025). A carboxymethyl cellulase from the yeast *Cryptococcus gattii* WM276: Expression, purification and characterisation. Protein Expression and Purification, 225, 106594. <https://doi.org/10.1016/j.pep.2024.106594>
- More, S. S., P. S., R., K., P., M., S., Malini, S., & S. M., V. (2011). Isolation, purification, and characterization of fungal laccase from *Pleurotus* sp. Enzyme Research, 2011, 248735. <https://doi.org/10.4061/2011/248735>

- Morosoli, R., Durand, S., & Boucher, F. (1989). Stimulation of xylanase synthesis in *Cryptococcus albidus* by cyclic AMP. *FEMS Microbiology Letters*, 57(1), 57-60. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.1989.tb03220.x>
- Muszevska, A., Okrasińska, A., Steczkiewicz, K., Drgas, O., Orłowska, M., Perlińska-Lenart, U., Aleksandrak-Piekarczyk, T., Szatraj, K., Zielenkiewicz, U., Piłsyk, S., Malc, E., Mieczkowski, P., Kruszewska, J. S., Bernat, P., & Pawłowska, J. (2021). Metabolic Potential, ecology and presence of associated bacteria is reflected in genomic diversity of Mucoromycotina. *Frontiers in Microbiology*, 12, 636986. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.636986>
- National Institutes of Health. (o. J.). BLAST: Basic Local Alignment Search Tool. Abgerufen am 15. Mai 2025 von <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- National Society of Master Thatchers Limited. (2018). Understanding the mechanisms of natural decay in water reed on the reed bed and as thatch.
- Naturalis Biodiversity Center. (o. J.). De Interactieve Paddenstoelengids: *Phellinus contiguus*. Abgerufen am 25. Juni 2025 von https://paddenstoelen.linnaeus.naturalis.nl/linnaeus_ng/app/views/species/taxon.php?id=3572
- Naturalis Biodiversity Center, Eis Kenniscentrum Insecten, & Ministerie van Landbouw, Visserij, Voedselzekerheid en Natuur. (o. J.). Niederländisches Artenverzeichnis. Abgerufen am 19. Juni 2025, von <https://www.nederlandsesoorten.nl/>
- NDFF Verbreitungsatlas. (o. J.). Abgerufen am 25. Juni 2025, von <https://www.verspreidingsatlas.nl/>
- Neubert, K. (2005). Diversität der mit Schilf (*Phragmites australis*) assoziierten Mycoflora [Dissertation, Universität Konstanz]. <http://kops.uni-konstanz.de/handle/123456789/6623>
- Nielsen, K. F., Holm, G., Uttrup, L. P., & Nielsen, P. A. (2004). Mould growth on building materials under low water activities. Influence of humidity and temperature on fungal growth and secondary metabolism. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 54(4), 325-336. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2004.05.002>
- Okeke, B. C., & Lu, J. (2011). Characterization of a defined cellulolytic and xylanolytic bacterial consortium for bioprocessing of cellulose and hemicelluloses. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 163(7), 869-881. <https://doi.org/10.1007/s12010-010-9091-0>
- Palla, B., Yuan, Y., Dai, Y.-C., & Papp, V. (2023). Host preferences of pinus-dwelling Hymenochaetaceae. In K. R. Sridhar & S. K. Deshmukh, *Ecology of Macrofungi* (1. Auflage, S. 244-279). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9781003429272-13>
- Pinho, D., Firmino, A., Ferreira-Junior, W., & Pereira, O. (2012). New Meliolaceae from the Brazilian Atlantic Forest 2: Species on host families Annonaceae, Cecropiaceae, Meliaceae, Piperaceae, Rubiaceae, Rutaceae and Tiliaceae. *Mycologia*, 105. <https://doi.org/10.3852/12-163>
- Pitt, J. I. (2014). *Penicillium* and *Talaromyces*: Introduction. *Encyclopedia of Food Microbiology*, 6-13. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00248-2>
- Pointing, S. B. (1999). Qualitative methods for the determination of lignocellulolytic enzyme production by tropical fungi. *Fungal Diversity*, 2, 17-33.

- Polemis, E., Dimou, D., & Zervakis, G. (2013). The family Hymenochaetaceae (Agaricomycetes, Basidiomycota) in the islands of the Aegean Archipelago (Greece). *Plant Biosystems*, 147, 306-314. <https://doi.org/10.1080/11263504.2013.775970>
- Posit Software. (o. J.). RStudio. Posit. Abgerufen am 11. Juni 2025, von <https://www.posit.co/>
- Ravindran, A., Adav, S. S., & Sze, S. K. (2012). Characterization of extracellular lignocellulolytic enzymes of *Coniochaeta* sp. During corn stover bioconversion. *Process Biochemistry*, 47(12), 2440-2448. <https://doi.org/10.1016/j.procbio.2012.10.003>
- Richhariya, J., Sharma, T., & Dassani, S. (2020). Production and optimization of enzyme xylanase by *Aspergillus flavus* using agricultural waste residues. *Journal of Applied Biology & Biotechnology*, 80, 82-89. <https://doi.org/10.7324/JABB.2020.80413>
- Rijksdienst voor het Cultureel Erfgoed (Niederländisches Landesamt für Kulturerbe). (20. Juni 2023). Riet voor dakbedekking. https://kennis.cultureelerfgoed.nl/index.php/Riet_voor_dakbedekking
- Rijksdienst voor het Cultureel Erfgoed (Landesamt für Kulturerbe). (20. August 2024). Werkhoutvuurzwam. <https://kennis.cultureelerfgoed.nl/index.php/Begrip:A10582b9-b1aa-4203-a65b-3c6569d7aa0e>
- Schwarze, F. W. M. R. (2007). Wood decay under the microscope. *Fungal Biology Reviews*, 21(4), 133-170. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2007.09.001>
- Silveira, R. M. B. da, Reck, M. A., Graf, L. V., & Sá, F. N. de. (2008). Polypores from a Brazilian pine forest in Southern Brazil: Pileate species. *Hoehnea*, 35, 619-630. <https://doi.org/10.1590/S2236-89062008000400012>
- Somerville, C., Bauer, S., Brininstool, G., Facette, M., Hamann, T., Milne, J., Osborne, E., Paredez, A., Persson, S., Raab, T., Vorwerk, S., & Youngs, H. (2004). Toward a systems approach to understanding plant cell walls. *Science*, 306(5705), 2206-2211. <https://doi.org/10.1126/science.1102765>
- Tallapragada, P. (2012). Optimization of the medium for the production of cellulases by *Aspergillus terreus* and *Mucor plumbeus*. *European Journal of Experimental Biology*, 2, 1161-1170.
- Tian, Z., Yan, Q., Feng, L., Deng, S., Wang, C., Cui, J., Wang, C., Zhang, Z., D. James, T., & Ma, X. (2019). A far-red fluorescent probe for sensing laccase in fungi and its application in developing an effective biocatalyst for the biosynthesis of antituberculous dicoumarin. *Chemical Communications*, 55(27), 3951-3954. <https://doi.org/10.1039/C9CC01579E>
- van der Kolk, H., Julsing, M., Verbokkem, J., & van Dam, J. (2020). Onderzoek schimmelgroei op rieten daken (S. 31). Wageningen Food & Biobased Research.
- Van Ryckegem, G., Gessner, M. O., & Verbeken, A. (2007). Fungi on leaf blades of *Phragmites australis* in a brackish tidal marsh: Diversity, succession, and leaf decomposition. *Microbial Ecology*, 53(4), 600-611. <https://doi.org/10.1007/s00248-006-9132-y>
- Voigt, K., Wolf, T., Ochsenreither, K., Nagy, G., Kaerger, K., Shelest, E., & Papp, T. (2016). Genetic and metabolic aspects of primary and secondary metabolism of the Zygomycetes. In D. Hoffmeister (Red.), *The Mycota; Biochemistry and Molecular Biology* (3. Auflage, S. 361-385). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-27790-5_15

- Voronin, L., Ni, K., & Ea, B. (2021). Checklist of fungi and fungi-like organisms on the common reed *Phragmites australis*. *Asian journal of Mycology*, 4(2), 67-113. <https://doi.org/10.5943/ajom/4/2/7>
- Wang, Y., Liu, Q., Yan, L., Gao, Y., Wang, Y., & Wang, W. (2013). A novel lignin degradation bacterial consortium for efficient pulping. *Bioresource Technology*, 139, 113-119. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2013.04.033>
- Wang, Y., Wang, L., Suo, M., Qiu, Z., Wu, H., Zhao, M., & Yang, H. (2022). Regulating root fungal community using *Mortierella alpina* for *Fusarium oxysporum* resistance in *Panax ginseng*. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.850917>
- Wang, Z., Ong, H. X., & Geng, A. (2012). Cellulase production and oil palm empty fruit bunch saccharification by a new isolate of *Trichoderma koningii* D-64. *Process Biochemistry*, 47(11), 1564-1571. <https://doi.org/10.1016/j.procbio.2012.07.001>
- Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, International Mycological Association, & Deutsche Gesellschaft für Mykologie. (o. J.). Mycobank. MycoBank Database. Abgerufen am 13. Juni 2025, von <https://www.mycobank.org/>
- Wiśniewska, K. M., Twarda-Clapa, A., & Białkowska, A. M. (2021). Screening of novel laccase producers— isolation and characterization of cold-adapted laccase from *Kabatiella bupleuri* G3 capable of synthetic dye decolorization. *Biomolecules*, 11(6), Article 6. <https://doi.org/10.3390/biom11060828>
- Wu, C., Wang, Y., & Yang, Y. (2022). *Pestalotiopsis* diversity: Species, dispositions, secondary metabolites, and bioactivities. *Molecules*, 27(22), 8088. <https://doi.org/10.3390/molecules27228088>
- Wu, X., Lian, H., Xia, C., Deng, J., Li, X., & Zhang, C. (2024). Mechanistic insights and applications of lignin-based ultraviolet shielding composites: A comprehensive review. *International Journal of Biological Macromolecules*, 280, 135477. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.135477>
- Yadav, M., Bista, G., Maharjan, R., Poudyal, P., Mainali, M., Sreerama, L., & Joshi, J. (2019). Secretory laccase from *Pestalotiopsis* species CDBT-F-G1 fungal strain isolated from high altitude: Optimization of its production and characterization. *Applied Sciences*, 9(2), Article 2. <https://doi.org/10.3390/app9020340>
- Yang, T., Liu, J., Lin, Q., & Jiang, X. (2009). *Penicillium expansum* YT01: A lignocellulose-degrading fungal strain isolated from China Gaoligong mountain humus soil. *Journal of Biobased Materials and Bioenergy*, 3(4), 348-353. <https://doi.org/10.1166/jbmb.2009.1055>
- Yang, X., Gu, C., & Lin, Y. (2020). A novel fungal laccase from *Sordaria macrospora* k-hell: Expression, characterization, and application for lignin degradation. *Bioprocess & Biosystems Engineering*, 43(7), 1133-1139. <https://doi.org/10.1007/s00449-020-02309-5>
- Zyani, M., Mortabit, D., Mostakim, M., Iraqui, M., Haggoud, A., Ettayebi, M., & Koraichi, S. I. (2009). Cellulolytic potential of fungi in wood degradation from an old house at the Medina of Fez. *Annals of Microbiology*, 59(4), 699-704. <https://doi.org/10.1007/BF03179211>

Anhänge

Anhang 1. Protokoll für die Probenentnahme von Reetdächern

Probenentnahme

- Reetproben mit einer Halmlänge von ungefähr 20 cm Länge (einschließlich des der Außenluft ausgesetzten Teils) und einer Bundstärke von etwa 5 cm entnehmen.
- Proben von „Neureet“ zu „geschädigtem Reet“ entnehmen, von außerhalb des Schimmelflecks in Richtung Kern.
- Befindet sich mehr als ein Schimmelfleck auf dem Dach, die Proben aus dem größten Schimmelfleck entnehmen.
- Die Proben einzeln in verschließbare Plastikbeutel legen, sodass ein Beutel jeweils eine Probe enthält. Die Beutel mit einem eindeutigen Identifikationscode beschriften, der aus Ort und Probennummer besteht (z. B. vom Dach in Sprundel: Sprundel-1, Sprundel-3).
- Nach der Entnahme von Proben aus einem Schimmelfleck die Handschuhe wechseln oder die Hände reinigen, bevor Proben aus dem nächsten Schimmelfleck entnommen werden.
- Bei einem kleinen Schimmelfleck (geschätzt kleiner als 1 m²) drei Proben entnehmen (Abbildung 27):
 1. Probe von nicht sichtbar geschädigtem Reet auf derselben Höhe wie die anderen Proben
 2. Probe vom Rand des Schimmelflecks
 3. Probe aus dem Kern des Schimmelflecks
 - Die Proben in der Reihenfolge 1, 2 und 3 entnehmen (Abbildung 27).
 - Jede Probe in einen eigenen Plastikbeutel legen.

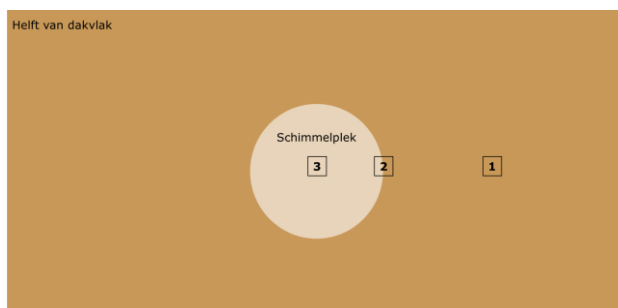


Abbildung 27: Bereich der Probenentnahme bei einem kleinen Schimmelfleck, einschließlich der Kennzeichnung der Probentypen (Ziffern 1, 2, 3).

- Bei einem großen Schimmelfleck (geschätzt 1 m² oder größer) vier Proben entnehmen (Abbildung 28):
 1. Probe von nicht sichtbar geschädigtem Reet auf derselben Höhe wie die anderen Proben
 2. Probe vom Rand des Schimmelflecks
 3. Probe aus dem Kern des Schimmelflecks

4. Probe zwischen Kern und Rand des Schimmelflecks
 - Die Proben in der Reihenfolge 1, 2, 4, 3 entnehmen (Abbildung 28).
 - Jede Probe in einen eigenen Plastikbeutel legen.

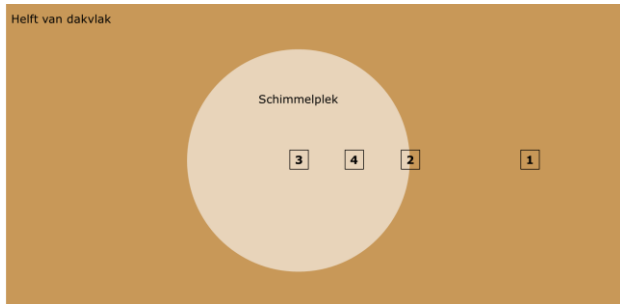


Abbildung 28: Bereich der Probenentnahme bei einem großen Schimmelfleck, einschließlich der Kennzeichnung der Probentypen (Ziffern 1, 2, 3, 4).

Informationen zu jeder Probe

- Folgende Informationen bereitstellen, sofern verfügbar:
 - Identifikationscode
 - Datum der Probenentnahme
 - Bereich der Probenentnahme
 - Name der Person, die die Proben entnimmt, und Name des Unternehmens
 - Probentyp (Ziffern 1 bis 3 oder 1 bis 4, wie in Abbildungen 27 und 28 beschrieben)
 - Alter des Reets
 - Herkunft des Reets
 - Obere oder untere Hälfte der Dachfläche
 - Beschreibung der Dachkonstruktion
 - Ausrichtung der Dachfläche (Norden, Osten, Süden, Westen)
 - Vorhandensein von Schatten (z. B. durch Bäume)
 - Foto der Situation
 - Besonderheiten
- Die entnommenen Proben separat in verschlossenen Plastikbeuteln abgeben, sodass sich in jedem Beutel genau eine Probe befindet, mit einem Identifikationscode auf dem Beutel und auf dem dazugehörigen Formular. Von einer Hälfte einer Dachseite werden somit drei oder vier Beutel mit jeweils einer Probe abgegeben.
- Die oben genannten Angaben können in das Probennahmeformular (Anhang 2) eingetragen werden. Ein Formular pro Probe ausfüllen.

Abgabe der Proben

Die Proben in verschlossenen Plastikbeuteln mit den dazugehörigen Formularen zu einem vereinbarten Zeitpunkt bei der HAS Green Academy oder bei Inge de Kloe abgeben. Ein Student ist anwesend, um die Proben entgegenzunehmen.

Anhang 2. Probennahmeformular

Tabelle 9: Probennahmeformular, in das die Angaben zu jeder entnommenen Probe eingetragen werden.

Identifikationscode	
Datum der Probenentnahme	
Name der Person, die die Probe entnimmt, und Name des Unternehmens	
Bereich der Probenentnahme	
Probentyp (1=Neureet, 2=Rand Fleck, 3=Kern Fleck, nur bei großem Schimmelfleck 4=zwischen Rand und Kern)	
Alter des Reets	
Herkunft des Reets	
Obere oder untere Hälfte der Dachfläche	
Beschreibung der Dachkonstruktion	
Ausrichtung der Dachfläche (Norden, Osten, Süden, Westen)	
Vorhandensein von Schatten (z. B. durch Bäume)	
Foto der Situation	
Besonderheiten	

Anhang 3. Protokoll für den Drei-Punkt-Biegeversuch

Drei-Punkt-Biegeversuch

- Maschine auf eine Reichweite von 5 cm einstellen. Der Kopf der Maschine ist mit einem Lineal ausgestattet, das auf -5 und 5 eingestellt werden (effektiv -2,5 cm und 2,5 cm) (Abbildung 29).
- Das korrekte Programm auswählen. Dieses Programm ist so programmiert, dass die Reethalme maximal 10 mm eingedrückt werden.
- 10 Reethalme aus der Probe nehmen. 10 Reetstücke jeweils 9 cm lang zwischen den Nodien abschneiden. Möglichst intakte Halme verwenden und darauf achten, dass die Reetstücke keine Nodien enthalten.
- Ein Reetstück der Probe in den Kopf der Maschine legen, sodass auf beiden Seiten gleich viel Reet herausragt.
- Auf den Namen der Datei und des Halms achten, ggf. anpassen. Auf „Start“ drücken.
- Nach dem Hochfahren der Maschine den Halm entfernen. Den nächsten Halm einlegen, Namen anpassen und auf „Start“ drücken. Dies für alle 10 Halme der Probe wiederholen.
- Wenn alle 10 Halme getestet sind, die Taste mit der Flagge drücken. Ergebnisse unter dem Probencode speichern. Das Programm fragt anschließend, ob eine neue Reihe unter demselben Protokoll gestartet werden soll. Auf „Ja“ drücken.
- Neue Probe nehmen, Reetstücke zuschneiden, Bezeichnung prüfen und die oben beschriebenen Schritte wiederholen.

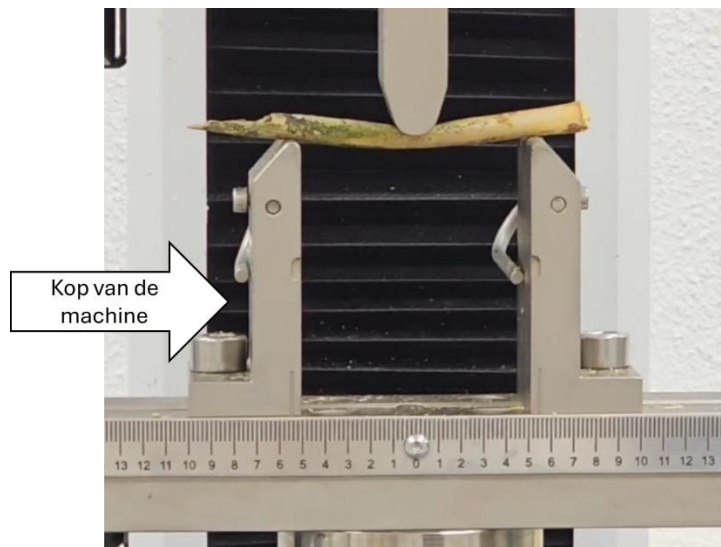

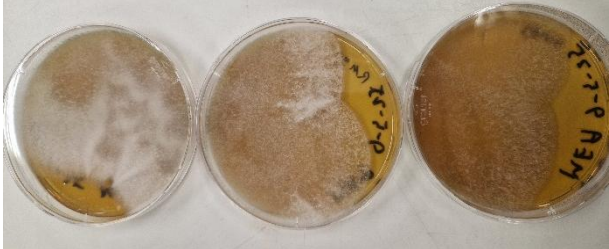
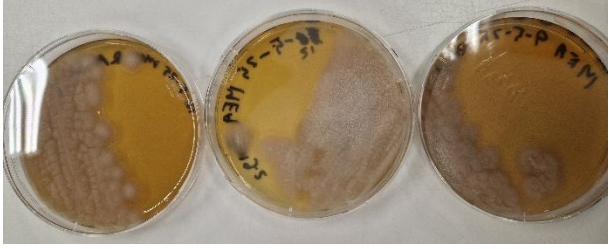

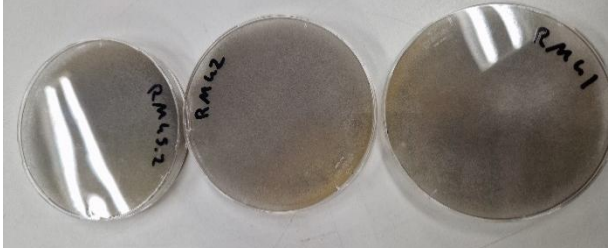



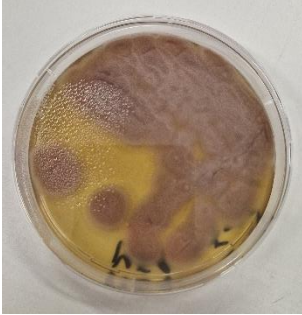


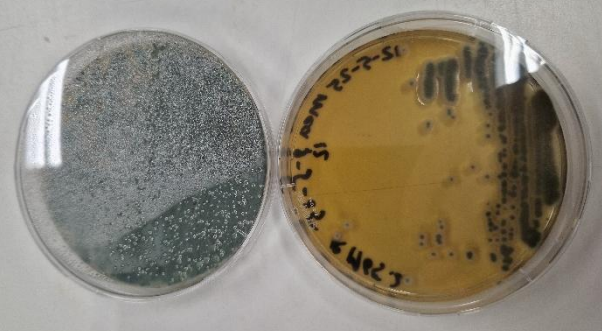
Abbildung 29: Druck/Zugprüfmaschine, eingestellt auf die korrekte Reichweite mit einem Reethalm. Der Pfeil zeigt auf den „Kopf“ der Maschine.

Anhang 4. Die verschiedenen Schimmelpilzkategorien

Tabelle 10: Gefundene Schimmelpilzmorphologien, eingeteilt in Kategorien. Jeder Kategorie sind die Beschreibung der Morphologie und ein Foto zugeordnet.




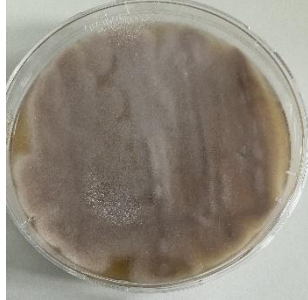
Kategorie	Morphologie	Foto
1	Die Farbe ist weiß, blau, gelb und grün. Die Struktur ist dick flauschig, der Flaum ist kurz. Der Schimmelpilz hat einen glatten Rand mit einzelnen runden Kolonien.	
2	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist dünn flauschig, der Flaum ist lang. Die Kolonie breitet sich auf dem Nährboden aus. Verfärbt sich bei niedrigen Temperaturen grün.	
3	Die Farbe ist weiß/beige. Die Struktur ist mäßig flauschig und weich. Die Kolonie hat einen fransigen Rand und eine runde Form.	
4	Die Farbe ist beige/grau. Die Struktur ist mäßig flauschig und weich. Die Kolonie hat einen fransigen Rand und eine runde Form.	
5	Die Farbe ist hellgrau. Die Struktur ist dick flauschig, der Flaum ist lang. Die Schimmelpilz wächst über den gesamten Nährboden und bildet schnell Sporen.	




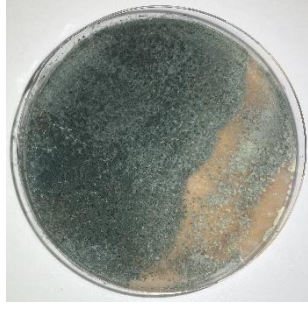

6	Die Farbe ist dunkelgrau. Die Struktur ist dick flauschig mit deutlichen langen Fäden. Die Schimmelpilz wächst über den gesamten Nährboden und bildet schnell Sporen.	
7	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist dünn flauschig. Der Schimmelpilz wächst in sichtbaren Wellen über den Nährboden.	
8	Die Farbe ist weiß mit rosa. Die Struktur ist mittelmäßig flauschig. Der Schimmelpilz hat einen leicht fransigen Rand und keine einzelnen Kolonien.	
9	Die Farbe ist rostartig/braun. Die Struktur ist mäßig flauschig und weich. Die Kolonie hat einen fransigen Rand und eine runde Form.	

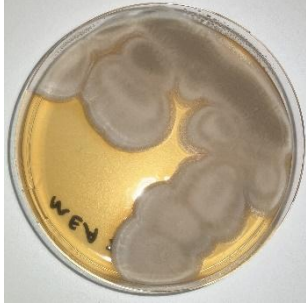
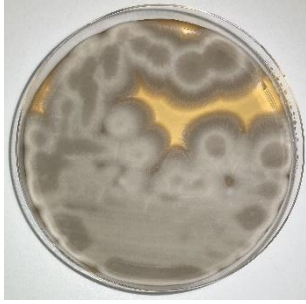
10	Die Farbe ist schwarz. Die Struktur ist mittelmäßig flauschig. Die Schimmelpilz wächst über den gesamten Nährboden und bildet schnell Sporen.	
11	Die Farbe ist grün. Die Struktur ist puderartig mit einem kurzen dicken Flaum. Der Schimmelpilz hat einen glatten Rand mit einzelnen runden Kolonien.	

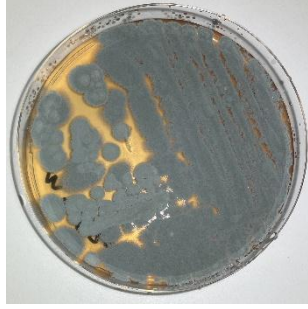
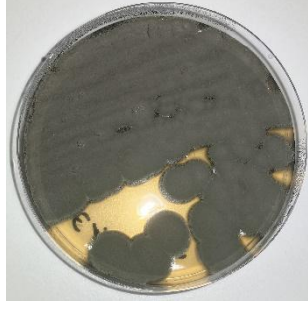

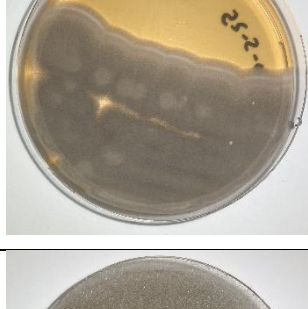

Anhang 5. Schimmelpilzkolonien zur Identifizierung


Tabelle 11: Schimmelpilzkolonien, die aus den erstellten Kategorien ausgewählt und zur Identifizierung eingesendet wurden, mit den dazugehörigen Probeninformationen und Foto.

Identifikationsnummer	Kategorie	Dach	Probe	Foto
1	10	2	6	
2	5	0	0	
3	5	2	8	
4	9	5	16	

5	7	2	9	
6	8	7	20	
7	8	7	20	
8	2	3	13	
9	2	1	1	

10	3	10	24	
11	3	5	15	
12	1	1	2	
13	1	6	18	
14	1	5	15	

15	11	1	4	
16	11	6	18	
17	4	5	15	
18	4	5	16	
19	6	3	11	

20	-			
----	---	--	--	---

Anhang 6. Protokoll für die DNA-Extraktion und PCR

Protokoll für die Extraktion von DNA aus Schimmelpilzen

Macherey-Nagel NucleoSpin® Plant II, Version 14

Bitte beachten! Zusätzliche Reagenzien und Ausrüstung erforderlich:

- Ethanol (96 – 100 %)
- Chloroform
- Mikropistill
- MN Bead Tubes Type B oder Seesand

1 Probe homogenisieren

50 – 200 mg Myzel (Frischgewicht) oder Material eines Fruchtkörpers von Makropilzen in Ethanol waschen. Myzel kann aus einer Flüssigkultur gewonnen oder von der Oberfläche eines festen Nährmediums (mit oder ohne Agar) abgeschabt werden. Die Probe vollständig mit Ethanol bedecken und vorsichtig mischen. Ein kurzes Waschen in Ethanol ist meist ausreichend, eine Übernachtinkubation kann jedoch die DNA-Ausbeute erhöhen. (Langzeitlagerung in Ethanol ebenfalls möglich). Ethanol durch Pipettieren entfernen und Myzel vorsichtig ausdrücken.

2 Zellyse

Probe in MN Bead Tubes Typ B oder in ein 1,5-mL-Mikrozentrifugenröhrchen (nicht enthalten) mit 150 mg Seesand geben und 200 µL Puffer PL1 hinzufügen. Mit Mikropistill homogenisieren und regelmäßig vortexen. Weitere 100 µL Puffer PL1 hinzufügen und Homogenisierung fortsetzen. Hinweis: Ist die Probe schwer handhabbar (z. B. weil sie zu viel Puffer aufsaugt), kann zusätzlicher Puffer PL1 hinzugefügt werden. Das Volumen von Puffer PC (Schritt 4) muss dann proportional erhöht werden. Optional: Ist die Probe reich an RNA oder Proteinen, empfiehlt sich die Zugabe von 10 µL RNase A und/oder Proteinase K (Stammlösung 5 – 10 mg/mL) zur PL1-Lysislösung, um Kontaminationen zu minimieren. 10 Min. bei 65 °C inkubieren. Bei manchen Pilzen kann eine Verlängerung auf 30 – 60 Min. vorteilhaft sein. 100 µL Chloroform hinzufügen, 10 Sek. vortexen und Phasen durch Zentrifugation für 15 Min. bei 20.000 x g trennen. Die obere wässrige Phase in ein neues 1,5-mL-Mikrozentrifugenröhrchen pipettieren.

3 Filtration / Klärung des Rohlysats

Einen NucleoSpin® Filter (violetter Ring) in ein neues Auffangröhrchen (2 mL) einsetzen und Lysat auf die Säule geben. 2 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren, klaren Durchfluss sammeln und den NucleoSpin® Filter entsorgen. Wenn nicht die gesamte Flüssigkeit den Filter passiert hat, Zentrifugation wiederholen. Sichtbares Pellet im Durchfluss: Überstand in ein neues 1,5-mL-Röhrchen überführen. Alternativ: Rohlysats 5 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren, Überstand in neues

Röhrchen geben oder geklärten Überstand durch NucleoSpin® Filter geben, um Feststoffe vollständig zu entfernen.

4 DNA-Bindungsbedingungen einstellen

450 µL Puffer PC hinzufügen und gründlich durch Auf- und Abpipettieren (5 x) oder Vortexen mischen.

5 DNA binden

NucleoSpin® Plant II Säule (grüner Ring) in ein neues Auffangröhrchen (2 mL) einsetzen. Maximal 700 µL Probe aufladen, 1 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren und Durchfluss entsorgen. Die maximale Ladekapazität der Säule beträgt 700 µL. Bei größeren Probenvolumina Ladeschritt wiederholen.

6 Silicamembran waschen und trocknen

1. Waschen

400 µL Puffer PW1 auf die Säule geben, 1 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren, Durchfluss entsorgen. Hinweis: Waschen mit PW1 erhöht die Reinheit, kann jedoch die Endausbeute leicht reduzieren.

2. Waschen

700 µL Puffer PW2 auf die Säule geben, 1 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren, Durchfluss entsorgen.

3. Waschen

Weitere 200 µL Puffer PW2 auf die Säule geben, 2 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren, um Restpuffer zu entfernen und Membran vollständig zu trocknen.

7 DNA eluieren

NucleoSpin® Plant II-Säule in ein neues 1,5-mL-Mikrozentrifugenröhrchen einsetzen. 50 µL Puffer PE (auf 65 °C vorgewärmt) auf Membran pipettieren, 5 Min. bei 65 °C inkubieren. 1 Min. bei 11.000 x g zentrifugieren, um die DNA zu eluieren. Schritt mit weiteren 50 µL Puffer PE (65 °C) wiederholen und in dasselbe Röhrchen eluieren. Hinweis: Für maximale Ausbeute oder höhere Konzentrationen alternative Elutionsverfahren beachten (Abschnitt 2.6). Elutionspuffer PE enthält kein EDTA. Wenn nach Lagerung ein DNA-Abbau beobachtet wird, EDTA im Puffer PE vor der Elution auf 1 mM einstellen.

Protokoll PCR

Versuchsanleitung Biotechnologie

Materialien

PCR-Gefäße (Eppis), Mastermix, DNA-Proben, Primermix, Socorex-Pipette 100 µl, Socorex-Pipettenspitzen, Mikrozentrifuge und PCR-Gerät (BioRad C1000 Thermal Cycler)

Durchführung und Vorgehensweise

Mastermix für 1 Probe: Puffer (Promega) 5 µl + dNTP (Promega) 0,5 µl + GoTaq (Promega) 0,125 µl + MQ-Wasser (Leadpharma) 9,375 µl => 15 µl

Primer-Mix: 20 µl Primer 1 + 20 µl Primer 2 + 960 µl steriles Wasser

PCR-Vorbereitung:

- Darauf achten, dass Primermix, Mastermix und DNA-Material beim Pipettieren nicht miteinander in Kontakt kommen. Dazu den Mastermix an den Boden des PCR-Gefäßes pipettieren, Primermix an eine Seite pipettieren und das DNA-Material an die gegenüberliegende Seite pipettieren.

- **15 µl** Mastermix in jedes Gefäß pipettieren.

- **10 µl** Primermix in jedes Gefäß pipettieren.

- Zuletzt **5 µl** DNA hinzufügen. Für jedes Gefäß neue Pipettenspitzen verwenden.

- Alle PCR-Gefäße 1 Minute zentrifugieren, sodass Mastermix, Primermix und DNA-Material miteinander vermischt werden.

- PCR-Gefäße in das PCR-Gerät einsetzen und das PCR-Programm starten (siehe Tabelle 12).

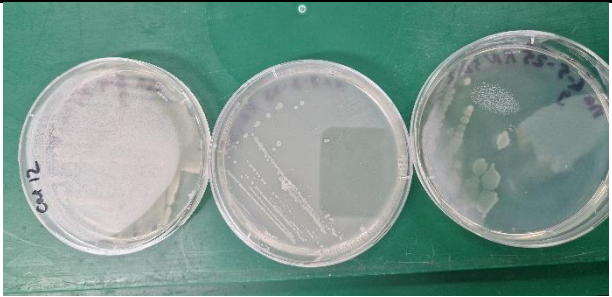


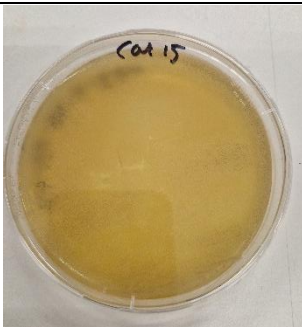
- Nach der PCR die Proben im Gefrierschrank (-20 °C) lagern.


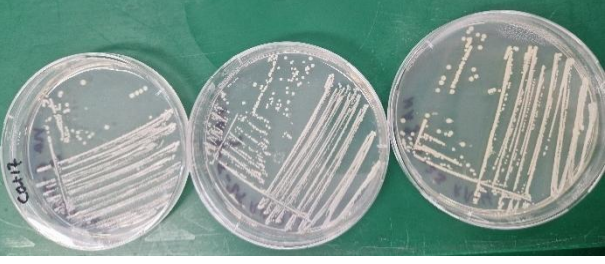

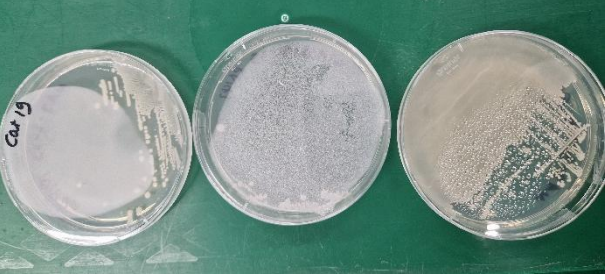
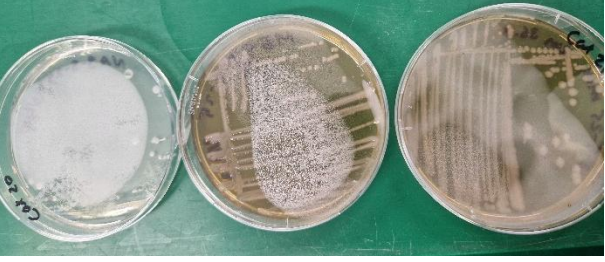
Tabelle 12: Eigenschaften der PCR-Zyklen.





Durchgang	Schritt	Funktion	Temp.	Zeit
1	1. Schritt	Denaturierung	94 °C	2 Min.
1x wiederholen				
2	1. Schritt	Denaturierung	94 °C	0,5 Min.
2. Schritt	Anlagerung	55 °C	0,5 Min.	
3. Schritt	Extension	72 °C	0,5 Min.	
34x wiederholen				
3	1. Schritt	Extension	72 °C	2 Min.
1x wiederholen				

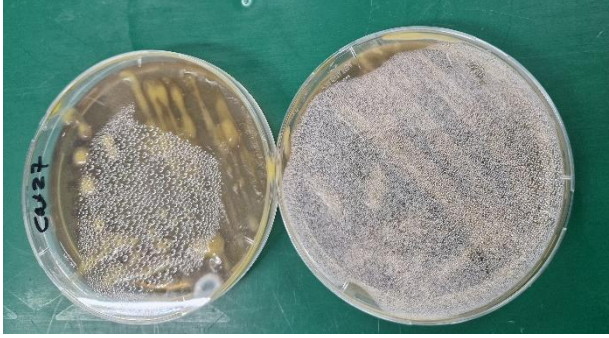
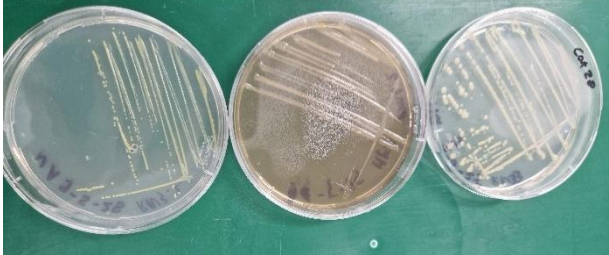
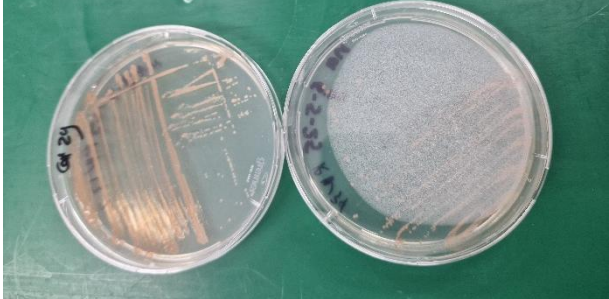
Anhang 7. Die verschiedenen Bakterienkategorien

Tabelle 13: Die gefundenen Bakterienmorphologien, eingeteilt in Kategorien. Jeder Kategorie sind die Beschreibung der Morphologie und ein Foto zugeordnet.

Kategorie	Morphologie	Foto
12	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist zähflüssig. Das Bakterium breitet sich auf dem Nährboden aus.	
13	Die Farbe ist hellgelb. Die Struktur ist gelatineartig. Das Bakterium bildet kleine, runde Kolonien.	
14	Die Farbe ist durchscheinend-weiß. Die Struktur ist einigermaßen flauschig. Der Schimmelpilz breitet sich aus und die Kolonie hat fransige Ränder.	
15	Die Farbe ist crème. Die Struktur ist glatt und glänzend. Das Bakterium breitet sich mit fingerförmigen Ausstülpungen aus.	

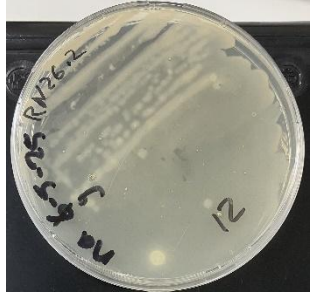



16	Die Farbe ist crème. Die Struktur ist matt. Das Bakterium bildet Kolonien, die mit fransigen Rändern aneinanderwachsen.	
17	Die Farbe ist weiß, an den Rändern durchscheinend. Die Struktur ist glänzend. Das Bakterium bildet kleine, runde Kolonien.	
18	Die Farbe ist crème. Die Struktur ist glänzend mit einer Anhäufung in der Mitte der Kolonie. Das Bakterium bildet runde Kolonien.	
19	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist glänzend. Das Bakterium bildet einzelne runde Kolonien, die mit fingerförmigen Ausstülpungen auslaufen können.	
20	Die Farbe ist durchscheinend-weiß. Die Struktur ist glänzend. Das Bakterium bildet runde Kolonien.	






21	Die Farbe ist weiß/crème. Die Struktur ist zähflüssig und glänzend. Das Bakterium bildet große, runde Kolonien.	
22	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist matt mit Fäden, die überlappende Kreise bilden. Das Bakterium wächst über den gesamten Nährboden.	
23	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist sowohl matt als auch glänzend. Das Bakterium bildet große, runde Kolonien mit einer konvexen Form.	
24	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist glänzend mit einem Punkt in der Mitte der Kolonie. Das Bakterium bildet kleine Kolonien mit einer runden Form und einem wellenförmigen Rand.	
25	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist matt mit einer Anhäufung in der Mitte der Kolonie. Das Bakterium bildet große unregelmäßige Kolonien mit einem wellenförmigen Rand.	
26	Die Farbe ist weiß. Die Struktur ist matt mit weißen gerippten Verdickungen. Das Bakterium bildet große Kolonien mit einem wellenförmigen Rand.	




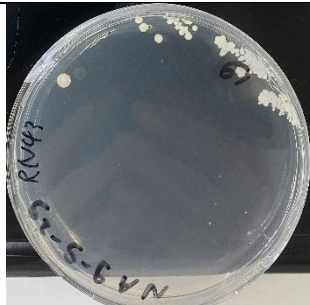

27	Die Farbe ist gelb. Die Struktur ist schleimig mit einem leicht durchscheinenden Rand. Das Bakterium wächst sowohl auf dem Nährboden als auch auf dem Deckel der Petrischale.	
28	Die Farbe ist hellgelb bis gelb. Die Struktur ist glänzend mit einem erhöhten Rand. Das Bakterium bildet kleine, runde Kolonien.	
29	Die Farbe ist lachsrosa. Die Struktur ist glänzend. Das Bakterium bildet kleine, runde Kolonien.	



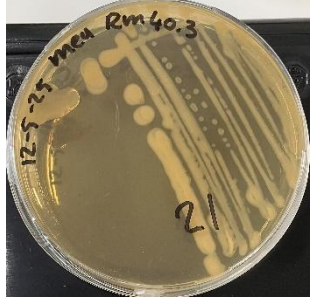


Anhang 8. Bakterienkolonien zur Identifizierung






Tabelle 14: Die Bakterienkolonien, die aus den erstellten Kategorien ausgewählt und mit Gramfärbung identifiziert wurden, einschließlich der zugehörigen Probeninformationen und Fotos. Bei der Identifizierung stellte sich heraus, dass die Kolonien mit der Identifikationsnummer 4 ein Schimmelpilz waren.

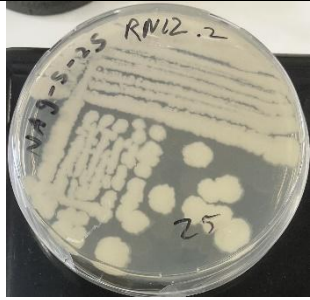




Identifikationsnummer	Kategorie	Dach	Probe	Foto
1	12	3	11	
2	12	3	12	
3	13	7	19	
4	14	6	18	


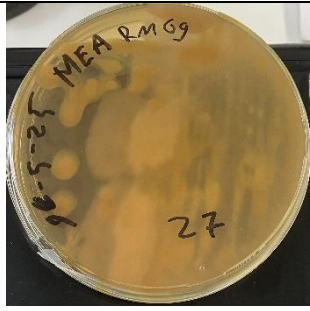
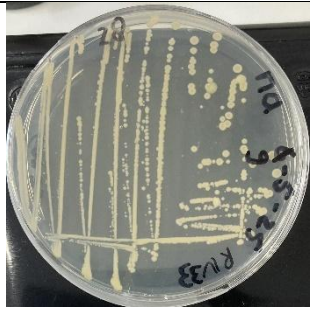
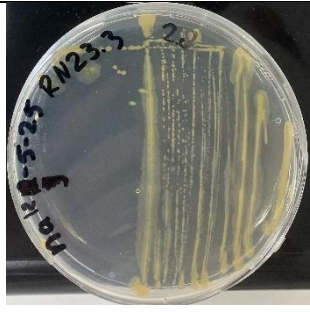

5	15	11	25	
6	16	2	7	
7	17	2	9	
8	17	6	18	
9	17	6	18	


10	17	1	2	
11	18	5	15	
12	19	6	17	
13	19	1	1	
14	20	2	9	

15	20	3	12	
16	21	3	12	
17	21	2	9	
18	21	9	23	
19	22	1	2	

20	22	10	24	
21	23	1	4	
22	23	6	17	
23	24	11	25	
24	24	1	5	

25	25	2	6	
26	25	2	8	
27	25	10	24	
28	25	10	24	
29	26	6	18	

30	27	7	20	
31	27	0	0	
32	28	2	9	
33	28	0	0	
34	29	1	5	

35	29	3	11	
----	----	---	----	---



Anhang 9. Erhaltene ITS1, ITS4 und ausgerichtete Sequenzen

Reinkultur 1

ITS1 (forward):

```
AAGAAATCTTGGGCTTGTCCATTATTATCTATTTACTGTGAACTGTATTATTATTTGACATTTGAGGGATGTTCC
AATGTTATAAGGATAGACATTGGAAATGTTAACCGAGTCATAATCAGGTTTAGGCCTGGTATCCTATTATTATT
ACCAAATGAATTCAGAATTAATATTGTAACATAGACCTAAAAAATCTATAAAACAACTTTAACACGGATCTCT
TGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCGATAACTAGTGTGAATTGCATATTCAGTGAATCATCGA
GTCTTTGAACGCAACTTGCCTCATTGGTATTCCAATGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAAACAAACCCTCTAT
TCAACTTTTGTGTATAGGATTATTGGGGGCTCTCGATCTGTATAGATCTTGAAACCCTTGAAATTTACTAAG
GCCTGAACTTGTTAATGCCTGAACTTTTTTTAATAAAGGAAAGCTCTTGTAATTGACTTTGATGGGGCCTC
CCAAATAAATCTTTTTAAATTTGATCTGAAATCAGGTGGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGGC
CGGAGGAAA
```

ITS4 (reverse):

```
GGGAACCACCTGATTTTCAGATCAAATTTAAAAAAGATTTATTTGGGAGGCCCATCAAAGTCAATTACAAGAGC
TTTTCTTTATATTAATAAAAAAAGTTCAGGCATTAACAAGTTTCAGGCCTTAGTAAATTTCAAGGGTTTCAAGATCT
ATACAGATCGAGAGGCCCAATAATCCTATACAACAAAAGTTGAATAGAGGGTTTGTGTTGATACTGAAACAG
GCGTGCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTCACA
CTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAG
ATTTTTTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTCATTTGGTAAATAATAATAGGATACCAGGCCTAAACCT
GATTATGACTCGGTTAACATTTCCAATGTCTATCCTTATAACATTGGAACATCCCTCAAATGTCAAATAATAATA
CAGTTCACAGTAAATAGATAATAATGGACAAGCCAAGATTATTGATTATTTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCC
C
```

Ausgerichtete Sequenz:

```
CCACCTGATTTTCAGATCAAATTTAAAAAAGATTTATTTGGGAGGCCCATCAAAGTCAATTACAAGAGCTTTCC
TTTATATTAATAAAAAAAGTTCAGGCATTAACAAGTTTCAGGCCTTAGTAAATTTCAAGGGTTTCAAGATCTATACA
GATCGAGAGGCCCAATAATCCTATACAACAAAAGTTGAATAGAGGGTTTGTGTTGATACTGAAACAGGCGT
GCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTCACACTAG
TTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAGATTTT
TTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTCATTTGGTAAATAATAATAGGATACCAGGCCTAAACCTGATTA
TGACTCGGTTAACATTTCCAATGTCTATCCTTATAACATTGGAACATCCCTCAAATGTCAAATAATAATACAGTT
CACAGTAAATAGATAATAATGGACAAGCCAAGATT
```

Reinkultur 2

ITS1 (forward):

```
ACCTTTACTGGGATTTACTTCTCAGTATTGTTTGCTTCTATACTGTGAACCTCTGGCGATGAAGGTCGTAACCTG
ACCTTCGGGAGAGACTCAGGACATATAGGCTATAATGGGTAGGCCTGTTCTGGGGTTTGATCGATGCCAATCA
GGATTACCTTTCTCCTTTGGGAAGGAAGGTGCCTGGTACCCTTTACCATATACCATGAATTCAGAATTGAAAG
TATAATATAATAACAACCTTTTAAACAATGGATCTCTTGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCGATA
ACTAGTGTGAATTGCATATTCGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAGCTTGCCTCTATGGATCTTCTATAGAG
TACGCTTGCTTCAGTATCATAACCAACCCACACATAAAATTTATTTTATGTGGTGATGGACAAGCTCGGTTAAAT
TTAATTATTATACCGATTGTCTAAAATACAGCCTCTTTGTAATTTTCATTAATTTACGAACTACCTAGCCATCGTG
CTTTTTTGGTCCAACCAAAAAACATATAATCTAGGGTTCTGCTAGCCAGCAGATATTTAATGATCTTTAACTA
TGATCTGAAGTCAAGTGGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAG
```

ITS4 (reverse):

```
GATCCACTTGACTTCAGATCATAGTTAAAGATCATTAAAATATCTGCTGGCTAGCAGAACCCCTAGATTATATG
TTTTTGGTTGGACCAAAAAGCACGATGGCTAGGTAGTTTCGTAATTTAATGAAAATTACAAAAGAGGCTGTATT
TTAGACAATCGGTATAATAATTAATTTAACCGAGCTTGTCCATCACCACATAAAAATAAATTTTATGTGTGGGTT
GGTTATGATACTGAAGCAAGCGTACTCTATAGAAGATCCATAGAGTGCAAGCTGCGTTCAAAGACTCGATGAT
TCACGAATATGCAATTCACACTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCAT
TGTTAAAAGTTGTTATTATATTATACTTTCAATTCTGAATTCATGGTATATGGTAAAGGGTACCAGGCACCTTCC
TTCCCAAAGGAAGAAAGGTAATCCTGATTGGCATCGATCAAACCCAGAACAGGCCTACCCATTATAGCCTAT
ATGTCCTGAGTCTCTCCCGAAGGTCAGTTACGACCTTCATCGCCAGAGGTTACAGTATAGAAGCAAACAATA
CTGAGAAGTAAATCCCAGTAAAGTGCCAATACATTAGTTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCTTACGGAA
```

Ausgerichtete Sequenz:

```
CCACTTGACTTCAGATCATAGTTAAAGATCATTAAAATATCTGCTGGCTAGCAGAACCCCTAGATTATATGTTTT
TTGGTTGGACCAAAAAGCACGATGGCTAGGTAGTTTCGTAATTTAATGAAAATTACAAAAGAGGCTGTATTTTAG
ACAATCGGTATAATAATTAATTTAACCGAGCTTGTCCATCACCACATAAAAATAAATTTTATGTGTGGGTTGGTT
ATGATACTGAAGCAAGCGTACTCTATAGAAGATCCATAGAGTGCAAGCTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCAC
GAATATGCAATTCACACTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCATTGTT
AAAAGTTGTTATTATATTATACTTTCAATTCTGAATTCATGGTATATGGTAAAGGGTACCAGGCACCTTCTTCC
CAAAGGAAGAAAGGTAATCCTGATTGGCATCGATCAAACCCAGAACAGGCCTACCCATTATAGCCTATATGT
CCTGAGTCTCTCCCGAAGGTCAGTTACGACCTTCATCGCCAGAGGTTACAGTATAGAAGCAAACAATACTGA
GAAGTAAATCCCAGTAAAG
```

Reinkultur 3

ITS1 (forward):

```
TAAGAAGGGCCTCCTAGAACTTGTCTAGTTAGGTTTCATTCTTTTTACTGTGAACTGTTTTAATTTTCAGCGTT
TGAGGAATGTCTTTTAGTCATAGGGATAGACTATTAGAATGTTAACCGAGCTGAAGTCAGGTTTAGACCTGGTA
TCCTATTAATTTATTTACCAAAAAGAAATTCAGTATTATTATTGTAACATAAGCGTAAAAAAGCTTATAAAACAACCTTTT
AACACGGATCTCTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCAGATAACTAGTGTGAATTGCATATTC
AGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAACTTGCCTCAATGGTATTCCATTGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAA
AACACCCACATTATAATTTTGTGTGAATGGAAGTGAATTTGACTTGTGTTGAATTCTTTAACTTATTAG
GCCTGAACTATTGTTCTTTCTGCCTGAACATTTTTTAAATATAAAGGAATGCTCTAGTATTAAGACTATCTCTGG
GGCCTCCCAAATAAAACTTTCTTAAATTTGATCTGAAATCAGGCGGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA
TAAGGCGGAGGAAAA
```

ITS4 (reverse):

```
ATGGGATCCGCCTGATTTTCGATCAATTTAAGAAAGTTTTATTTGGGAGGCCCCAGAGATAGTCTTAATACTAGA
GCATTCCTTTATATTAATAAAATGTTTCAGGCAGAAAAGAACAATAGTTTCAGGCCTAATAAGTTTAAAGAATTCAAA
CAAGTCGAAATTCTCAGTTCCATTACAACAAAATTATGAATGTGGGGTGTGTTTTGATACTGAAACAGGCGTGC
TCAATGGAATACCATTGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCATGAATATGCAATTCACACTAGTT
ATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAAGTTTTTT
ACGCTTATGTTACAATAATAACTGAATCTTTTGGTAAATAATTAATAGGATACCAGGTCTAAACCTGACTTC
AGCTCGTTAACATTCTAATAGTCTATCCCTATGACTAAAAGACATTCCTCAAACGCTGAAAATTAATAACAGTTC
ACAGTAAAAAAGAATGAACCTAACTAGAACAAGTTCTAGGAGGCCATCTAAATTATTTAATGATCCTTCCGCAG
GTTACCCTACGGAA
```

Ausgerichtete Sequenz:

```
CCGCCTGATTTTCGATCAATTTAAGAAAGTTTTATTTGGGAGGCCCCAGAGATAGTCTTAATACTAGAGCATTCC
TTTATATTAATAAAATGTTTCAGGCAGAAAAGAACAATAGTTTCAGGCCTAATAAGTTTAAAGAATTCAAACAAGTC
GAAATTCTCAGTTCCATTACAACAAAATTATGAATGTGGGGTGTGTTTTGATACTGAAACAGGCGTGTCTCAATG
GAATACCATTGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCATGAATATGCAATTCACACTAGTTATCGCA
CTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAAGTTTTTTACGCTT
ATGTTACAATAATAACTGAATCTTTTGGTAAATAATTAATAGGATACCAGGTCTAAACCTGACTTCAGCTCG
```

GTTAACATTCTAATAGTCTATCCCTATGACTAAAAGACATTCTCAAACGCTGAAAATTTAAAACAGTTCACAGTA
AAAAAGAATGAACCTAACTAGAACAAAGTTCTAGGAGGCC

Reinkultur 4

ITS1 (forward):

AATGAGTCTTCAATCATTGAAGCTTCTTCCCATTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTTATGTTGGGGATTAAACAT
GGTTGAGAATTTATTTTCGGCCGTCCCCAACAAATTATCTTATCCTTTATTAAATTGAACTGAACTCATTGAG
ATTACATAAAAAAATAATCTTTTAATAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCA
GCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCATAATTCAGTGAATCATCCAATCTTTGAACGCACATTGCACTCTAT
GGTATCCGTAAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAACACCTCACTACTATAACTTTGGTTGTAATTAGTGGACT
TGGGATGCGCTGGTGTCAATCCCCCTTCTAAAAGGAGTTCTTGCCTGTT

ITS4 (reverse):

GGGGTCTGATTTTCGATCAAATTTGAAGAGGATAAATCCTCAAAAATTCTGTATATCAAGACTGTCAAATTCTA
AGCAAAAAAGCCAGGATTTCAACATTACTGCCGAACTTATTAGGCCAACATGCTGTTAAAACAAATCAACAG
TGCAAGAACTCCATTTTAGAAGGGCTGATTGACACCAGCGCATCCCAAGTCCACTAATTACAACCAAGTTATA
GTAGTGAGGTGTTTCATGATACTGAAACAGGCATACTCTACGGAATACCATAAAGTGAATGTGCGTTCAAAGA
TTCGATGATTCAGTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACC
AAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTTAAAGATTATTTTTTATGTAATCTCAAATGAGTTCATTTCATTTTAA
TAAAGGATAAAATAATTTGTTGGGGACGGCCGAAAAAAATTTCTCAACCATGTTAATCCCCAACATAAAATAC
GGACAAAGCCAGCACGGTGGGAAGAAGCTTCGATGATTGAAGACTCACTTCATTAATGATCCTTCCGCACGTT
CACCTAAGGAAGG

Ausgerichtete Sequenz:

AACAGTGCAAGAACTCCATTTTAGAAGGGCTGATTGACACCAGCGCATCCCAAGTCCACTAATTACAACCAAA
GTTATAGTAGTGAGGTGTTTCATGATACTGAAACAGGCATACTCTACGGAATACCATAAAGTGAATGTGCGTTC
AAAGATTCGATGATTCAGTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGA
GAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTTAAAGATTATTTTTTATGTAATCTCAAATGAGTTCATTTCA
TTTTAATAAAGGATAAAATAATTTGTTGGGGACGGCCGAAAAAAATTTCTCAACCATGTTAATCCCCAACATA
AAATACGGACAAAGCCAGCACGGTGGGAAGAAGCTTCGATGATTGAAGACTCA

Reinkultur 5

ITS1 (forward):

AAAGAGTTTATGGGACTTTTTAATCCATATCCACCTTGTGTGCAATGTCAGTTCGATCTTCTTCATGGAGATCGA
CCAAACATCAACCTTTATTTTTTAACTCTTTGTCTGAAAAATATTATGAATAACAATTCAAATACAACCTTTCAA
CAACGGATCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTC
AGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCATATTGCGCTCTTTGGTATTCCGAAGAGCATGCTTGTGTTGAGTATCAGT
AAACACCTCAAAGCTTTTGGATTTTTAATCGAAAAGCTTTGGACTTGAGCAATCCCAACACCAATCTTTTTGAG
ATCGGTGGCGGGTGTGTTGAAATGCAGGTGCAGCTGGACATTCTCCTGAGCTAAAAGCATATTCATTTAGTCC
CGTCAAACGATTACTTTTGTCTGAGCTAACATAAAGGGAGTTTGACCGTATTGGCTGACTGATGCAGGA
TTTCACAAGGGTCGGCAACGATTCTGTTAAACTCGATCTCAAATCAAGTAAGACTACCCGCTGAACTTAAGCA
TATCAATAAAC

ITS4 (reverse):

ATCTTCTTGATTTGAGATCGAGTTTAAACAAGAATCGTTGCCGACCCTTGTAATCCTGCATCAGTCAGCCAAT
ACGGTCAAACCTCTTTATGTTAGCTGCAGCAAAAGTAATAATCCGTTTGACGGGACTAAATGAATATGCTTTT
AGCTCAGGAGAATGTCCAGCTGCACCTGCATTTCAAGCAACCCGCCACCGATCTCAAAAAGATTGGTGTGTTGGG
ATTGCTCAAGTCAAAGCTTTTTCGATTAATAAATCCAAAAGCTTTGAGGTGTTTACTGATACTCAAACAAGCAT
GCTCTTCGGAATACCAAGAGCGCAATATGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCAGTGAATTCTGCAATTCACATTA
CGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTTGAATT

GTTTATTTCATAATATTTTTTCAGACAAAGAGTTAAAAATAAAGGTTGATGTTTGGTCGATCTCCATGAAGAAGAT
CGACTGACATTGCACACAAGGTGGATATGGATTTAAAAAGTGCCATAAAACACTTATTATGAATGATCCTTCCC
CAGTCACCC

Ausgerichtete Sequenz:

TCTTCTTGATTTGAGATCGAGTTTAAACAAGAATCGTTGCCGACCCTTGTGAAATCCTGCATCAGTCAGCCAATA
CGGTCAAACCTCCCTTTATGTTAGCTGCAGCAAAGTAATAATCCGTTTGACGGGACTAAATGAATATGCTTTTA
GCTCAGGAGAATGTCCAGCTGCACCTGCATTTCAAGCAACCCGCCACCGATCTCAAAAAAGATTGGTGTGGGA
TTGCTCAAGTCCAAAGCTTTTCGATTAAAAAATCCAAAAGCTTTGAGGTGTTTACTGATACTCAAACAAGCATG
CTCTTCGGAATACCAAAGAGCGCAATATGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTAC
GTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGATTTTTGAATTG
TTTATTTCATAATATTTTTTCAGACAAAGAGTTAAAAATAAAGGTTGATGTTTGGTCGATCTCCATGAAGAAGATC
GACTGACATTGCACACAAGGTGGATATGGATTTAAAAAGTGCCATAAA

Reinkultur 6

ITS1 (forward):

GAATGTAAGGCTTTGCCTGCTATCTTTACCCATGTCTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGC
CGATTGGACAATTTAAACCATTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACTTAATAGTTACAACCTTTCAACAAC
GGATCTCTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTG
AATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTA
CCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTGTCTCGCCTCTGCGCTAGACTCGCCTCAAAACAATTGGCAGC
CGGCGTATTGATTTGAGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACTTTTTT
ACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAAAGC

ITS4 (reverse):

TCCCTACCTGATCCGAGGTCAAGAGTGTA AAAAGTACTTTTTGGACGTCGTCGTTATGAGTGCAAAGCGCGAGA
TGTA CTGCGCTCCGAAATCAATACGCCGGCTGCCAATTGTTTTGAGGCGAGTCTACGCGCAGAGGGCGAGACA
AACACCCAACACCAAGCAGAGCTTGAAGGTACAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCATGGAATACCAAGG
GGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACACTACTTATCGCATTTGCTGCG
TTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTA ACTATTAAGTTTTTTCAGACGCTGATTG
CAACTGCAAATGGTTTAAATTGTCCAATCGGCGGGCGGACCCGCCGAGGAAACGAAGGACTCAAAGACAT
GGTAAGAGATAGCAGGCAAAGCCTACA ACTCTAGGTAATGATCCTTCCGAGGTTACCTACGGAAGAAT

Ausgerichtete Sequenz:

TCCCTACCTGATCCGAGGTCAAGAGTGTA AAAAGTACTTTTTGGACGTCGTCGTTATGAGTGCAAAGCGCGAGA
TGTA CTGCGCTCCGAAATCAATACGCCGGCTGCCAATTGTTTTGAGGCGAGTCTACGCGCAGAGGGCGAGACA
AACACCCAACACCAAGCAGAGCTTGAAGGTACAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCATGGAATACCAAGG
GGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACACTACTTATCGCATTTGCTGCG
TTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTA ACTATTAAGTTTTTTCAGACGCTGATTG
CAACTGCAAATGGTTTAAATTGTCCAATCGGCGGGCGGACCCGCCGAGGAAACGAAGGACTCAAAGACAT
GGTAAGAGATAGCAGGCAAAGCCTACA

Reinkultur 7

ITS1 (forward):

TCAAACCTCCAACCCATGTGAACTTACCATTGTTGCCTCGGCAGAAGCTGCTCGGTGCACCCTACCTTGGAAAC
GGCCTACCCTGTAGCGCCTTACCCTGGAACGGCTTACCCTGTAGCGGCTGCCGTTGGACTACCAAACCTTTGT
TATTTTATTGTAATCTGAGCGTCTTATTTTAAATAAGTCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCG
ATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA
CATTGCGCCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTTAAGCCTAGCTTAGTGTT
GGGAGCCTACTGCTTTTACTAGCTGTAGCTCCTGAAATACAACGGCGGATCTGCGATATCCTCTGAGCGTAGT

AATTTTTATCTCGCTTTTACTGGAGTTGCAGCGTCTTTAGCCGCTAAATCCCCCAATTTTTAATGGTTGACCTC
GGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAATACCC

ITS4 (reverse):

TCCTACTGATCCGAGGTCAACCATTAAAAATTGGGGGATTTAGCGGCTAAAGACGCTGCAACTCCAGCTCCAA
AAGCGAGATAAAAAATTACTACGCTCAGAGGATATCGCAGATCCGCCGTTGTATTTACAGGAGCTACAGCTAGTA
AAAGCAGTAGGCTCCCAACACTAAGCTAGGCTTAAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCACTAGAA
TACTAATGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTT
CGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGACTTATTTAAAATAAGACGCTC
AGATTACAATAAAAATAACAAGAGTTTGGTAGTCCACCCGGCAGCCGCTACAGGGTAAGCCGTTCCAGGGTAAGG
CGCTACAGGGTAGGCCGTTCCAAGGTAGGGTGCACCCGAGCAGCTTCTGCCGAGGCAACAATGGTAAGTTTAC
ATGGGTTGGGAGTTTAGAAAACCTATAATGATCCCTCCGCAGGTTTACCTACGGAAGC

Ausgerichtete Sequenz:

TCCTACTGATCCGAGGTCAACCATTAAAAATTGGGGGATTTAGCGGCTAAAGACGCTGCAACTCCAGCTCCAA
AAGCGAGATAAAAAATTACTACGCTCAGAGGATATCGCAGATCCGCCGTTGTATTTACAGGAGCTACAGCTAGTA
AAAGCAGTAGGCTCCCAACACTAAGCTAGGCTTAAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCACTAGAA
TACTAATGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTT
CGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGACTTATTTAAAATAAGACGCTC
AGATTACAATAAAAATAACAAGAGTTTGGTAGTCCACCCGGCAGCCGCTACAGGGTAAGCCGTTCCAGGGTAAGG
CGCTACAGGGTAGGCCGTTCCAAGGTAGGGTGCACCCGAGCAGCTTCTGCCGAGGCAACAATGGTAAGTTTAC
ATGGGTTGGGAGTTT

Reinkultur 8

ITS1 (forward):

AAAGATAACTCCAAACCAATGTGAACCATACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCCGGGTGCGTCCG
CAGCCCCGGAACAGGCGCCCCGCCGGAGGGACCAACCAAACCTTTTTCTGTAGTCCCCTCGCGGACGTTATTT
CTTACAGCTCTGAGCAAAAATTCAAATGAATCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGA
AGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATT
GCGCCCCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCGAACCCCTCCGGGGGGTCCG
GCGTTGGGGACCTCGGGAGCCCCAAGACGGGATCCCGCCCCGAAATACAGTGGCGGTCTCGCCCGACGCC
TCTCTGCGCAGTAGTTTGCACAACCTCGCACCCGGGAGCGCGGCGTCCACGTCCGTAAAACACCCAACTTCT
GAAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCATAAACCCG

ITS4 (reverse):

GGATCTACCTGATCCGAGGTCAACATTTAGAAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCCGG
TGCGAGTTGTGCAAACACTACTGCGCAGGAGAGGCTGCGGCGAGACCCGCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATCC
CGTCTTAGGGGCTCCCGAGGTCCCCAACGCCGACCCCCGGAGGGGTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGGA
CAGGCATGCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAAT
TCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGA
TTCATTTTGAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAAGAGTTTGGTTGGT
CCCTCCGGCGGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGG
TATGGTTCACATTGGGTTTGGGAGTTGTAACCTCGGTAATGATCCCTCCGAGGTCACCCCTACGGAAGGATT
ACCGAGTTTACAACCTCCAAACCAATGTGAACCATACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCCGGGTG
CGTCGCAACCCGGAACCCAGGCGCCC

Ausgerichtete Sequenz:

CTACCTGATCCGAGGTCAACATTTAGAAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCCGGTGCG
AGTTGTGCAAACACTACTGCGCAGGAGAGGCTGCGGCGAGACCCGCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATCCCGTCT
TAGGGGCTCCCGAGGTCCCCAACGCCGACCCCCGGAGGGGTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGGACAGGC
ATGCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACA
TTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTCAAT
TTGAAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAAGAGTTTGGTTGGTCCCTC

CGGCGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGGTATGG
TTCACATTGGGTTTGGGAGTT

Teil 2:

AACTCCCAAACCCAATGTGAACCATAACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCCGGGTGCGTCGCAACC
CGGAAACCAGGCGCCC

Reinkultur 9

ITS1 (forward):

CAATTAACCTCCCAAACCCAATGTGAACCATAACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCCGGGTGCGTCGC
AGCCCCGGAACCAAGGCGCCCGCCGGAGGGACCAACCAAACCTTTCTGTAGTCCCCTCGCGGACGTTATTTCT
TACAGCTCTGAGCAAAAATTCAAATGAATCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAG
AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGC
GCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCGAACCCCTCCGGGGGGTCCGGC
GTTGGGGATCGGGAACCCCTAAGACGGGATCCCGGCCCGAAATACAGTGGCGGTCTCGCCGAGCCTCTCA
TGCGCAGTAGTTTGCACAACTCGCACCGGGAGCGCGGCGCGTCCACGTCCGTAAAACACCCAACCTTCTGAAA
TGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAACC

ITS4 (reverse):

CGGGATCTACCTGATCCGAGGTCAACATTTCAGAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCC
GGTGCAGATTGTGCAAACCTACTGCGCATGAGAGGCTGCGGCGAGACCGCCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATC
CCGTCTTAGGGGTTCCCGATCCCCAACGCCGACCCCGGAGGGTTTCGAGGGTTGAAATGACGCTCGGACA
GGCATGCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTC
ACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATT
CATTTTTGAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAGAGTTTTGGTTGGTCC
CTCCGGCGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGGTA
TGTTACATTGGGTTTGGGAGTTGTAACCTCGGTAATGATCCCTCCGAGGTCACCC

Ausgerichtete Sequenz:

CTACCTGATCCGAGGTCAACATTTCAGAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCCGGTGCG
AGTTGTGCAAACCTACTGCGCATGAGAGGCTGCGGCGAGACCGCCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATCCCGTCT
TAGGGGTTCCCGATCCCCAACGCCGACCCCGGAGGGTTTCGAGGGTTGAAATGACGCTCGGACAGGCAT
GCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATT
ACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTCATTTT
GAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAGAGTTTTGGTTGGTCCCTCCGG
CGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGGTATGGTTC
ACATTGGGTTTGGGAGTT

Reinkultur 10

ITS1 (forward):

ACAGAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTTGGGACTTAAACAT
GGTAGGCCTTACGGTTTACCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACTAAACAA
TGATTTTAATAATCTGTTTAAAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCG
AAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTGGT
ATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTTGTGGAATTGG
GATGCGCCGATTTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCTATTACAGCAGTTTGGCCT
AATAGTTTTGACTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAACCTCAT
TTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAAGGAAAAAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTACCTGATTTTACAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAAT

GTAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACAT
TTTAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGT
GCTCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATT
CACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCG
TTGTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATA
TTGTTTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCAC
AAAGGAAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCC

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACCTGATTTAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATGTAGC
CAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTTAGG
AGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCAT
GATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAGTGA
ATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTG
AAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATTGTTT
TTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAGG
AAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCT

Reinkultur 11

ITS1 (forward):

GTAAGAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTGGGACTTAAAC
ATGGTAGGCCTTACGGTTTACCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACTAAAC
AATGATTTTAATAATCTGTTTAAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG
CGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTG
GTATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTTGTGGAATT
GGGATGCGCCGATTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCTACTACAGCAGTTTGGC
CTAATAGTTTTGACTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAAC
ATTTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAACA
AAA

ITS4 (reverse):

GGACCTACCTGATTTAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGACTTCCAGAAGCAAATG
TAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTT
TAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGC
TCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCA
CTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTT
GTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATT
GTTTTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCAC
AAGGAAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACC

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACCTGATTTAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGACTTCCAGAAGCAAATGTAG
CCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTAG
GAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCA
TGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAGTGA
AATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTT
GAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATTGTT
TTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAG
GAAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCTTT

Reinkultur 12

ITS1 (forward):

AACAGAAGGGCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGCAA
GGCCGCGGGGGGCATCTGCCCTCTGGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCATTGAACGCTGTCTGAAGATTGCA
GTCTGAGCAATTAGTTAAATAACTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCA
GCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCC
TGGTATTCGGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTGTTGGGCTCCGT
CCTCCTTCCGGGGGACGGGCCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCCGCTCCGGTCCCTCGAGCGTATGGGGCTTCG
TCACCCGCTCTGCAGGCCCGGGCGGCTTGCCGACACATCAATCTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGT
AGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGA

ITS4 (reverse):

GGGTCCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGTCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTGCAGA
GCGGGTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGGCCGTCCCCCG
GAAGGAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCC
GGAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATC
GCATTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAAT
TGCTCAGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCC
CCGGCGGCCTTGCGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAG
GGCCCTCACTCGGTAATGATCCTTCCGAGGTTCAACCTACGGAAGGCATTACCTAGTGAGGGCCCTCTGGGT
CCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGAAGGCCCGGGGGGCATCT
GCCCTGCGCCCGCGCCCCAAAAA

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGTCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTGCAGAGCGG
GTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGGCCGTCCCCCGGAAG
GAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCGGAA
TACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATT
TCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAATTGCTC
AGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCCCGG
CGGCCTTGCGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAGGGCC
CT

Teil 2:

AGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGCAAGGCC
GCCGGGGGGGCATCTGCCCTCTGGCCCGCGCCC

Reinkultur 13

ITS1 (forward):

CAGAAGGGCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGCAAG
GCCGCGGGGGGCATCTGCCCTCTGGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCATTGAACGCTGTCTGAAGATTGCA
TCTGAGCAATTAGTTAAATAACTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCAG
CGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCT
GGTATTCGGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTGTTGGGCTCCGTC
CTCCTCCGGGGGACGGGCCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCCGCTCCGGTCCCTCGAGCGTATGGGGCTTCGT
CACCCGCTCTGTAGGCCCGGGCGGCTTGCCGACACATCAATCTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTA
GGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAACC

ITS4 (reverse):

GGGTCCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGTCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTACAGAG
CGGGTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGGCCGTCCCCCGG
GAGGAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCGG
GAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCG

CATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAATT
GCTCAGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCC
CGGCGGCTTTCGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAGG
GCCCTACTCGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCTACGGAAGTCATTA

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTACAGAGCGG
GTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTTCGGGCCCGTCCCCGGGAG
GAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCGGAA
TACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATT
TCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAATTGCTC
AGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCCCGG
CGGCTTTCGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAGGGCC
CT

Reinkultur 14

ITS1 (forward):

CAAAGAGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGAGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCACATCTTACGACGGC
AGACTCTCTAGAGTCCTCAGCATGAACTGTTAGTAAGATAAGGGTTGCGCTCGTTATGGCACTTAAGC
CGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTTCACATTTGCCTTTCGGGCTATACGGTTTCT
GTATATTCAAATGCAATTTAAGCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTATCATCGAATTAACCACATGTTCTCCGCT
TGTGCGGGCCCTCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTACTCCCCAGGTGGAATACTTAATGCTTT
CGTTGGCCGCTTACTGTATATCGCAAACAGCGAGTATTCATCGTTTACTGTGTGGACTACCAGGGTATCTAAT
CCTGTTTGATACCCACACTTTTCGAGCATCAGTGTGAGTTGCAGTCCAGTGAGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCT
TCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCATGAATTCGCCACCTCTACTGTACTCAATACAGACAGTATC
AACTGCAATTTTACGGTTGAGCCGCAAACCTTTCACTACTGACTTAACTGTCCACCTACGCTCCCTTTAAACCCA
ATAAATCCGATAACGCTCGGATCCTCCG

ITS4 (reverse): TCGTCTTGCCCATATGT

Ausgerichtete Sequenz: Fehlt

Reinkultur 15

ITS1 (forward):

AAGAAGGGCCTTTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATTTACCTCGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTG
GCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCGGGGCCCGCGCCCGCGAAGACACCCCGAACTCTGCCTGAAGATTGTC
GTCTGAGTGAAAATATAAATTTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCA
GCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTGAACGCACATTGCGCCCCCT
GGTATTCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTC
CTCCGATTCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGCGGCACCGCGTCCGGTCTCGAGCGTATGGGGCTTT
GTCACCCGCTCTGTAGGCCCGGCCGGCGCTTCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAG
GTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAA

ITS4 (reverse):

CGGGTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTGGGATAAAAATTTGGGTTGATCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTACA
GAGCGGGTGACAAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCGGGCCCGTCCCC
CGAATCGGAGGACGGGGCCCAACACACAAGCCGGGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCC
CCCCGGAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTACTGAATTTGCAATTCACATTACGT
ATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAATAATTTATATT
TTACTCAGACGACAATCTTCAGGCAGAGTTCCGGGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCCCGGGGCGTGAGC
CCCCGGCGGCCAGTTAAGCGGGCCCCGCCGAAGCAACGAGGTAATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCC

AAAGGGCCCTCACTCGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCCCCTTACGGAAGTACCGAGTGAGGGCCCTTTGGGT
CCAACCTCCCACCCGTGTTTATTTACCTCGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCAC
GCCCCGGGCCCGCGCCGCGGAAGACCCCCGAAGCTCTGCCTGAAGATTGTCGTCTGAGTGAAAATATAAAT
TATTTAAAACCTTTCACAACGGATCTCTGGGTTCCGGCATCGATGA

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACCTGATCCGAGGTCAACCTGGGATAAAATTTGGGTTGATCGGCAAGCGCCGGCCGGGCTACAGAGCG
GGTGACAAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCGGGCCCGTCCCCCGGAA
TCGGAGGACGGGGCCCAACACACAAGCCGGGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCG
GAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCATGAATTTGCAATTCACATTACGTATCGC
ATTTGCTGCTGCGTTTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAATAATTTATATTTTAC
TCAGACGACAATCTTCAGGCAGAGTTCGGGGGTGCTTCGGCGGGCGCGGGCCCGGGGGCGTGAGCCCCC
GGCGGCCAGTTAAGGCGGGCCCGCCGAAGCAACGAGGTAATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAAAGG
GCCCT

Teil 2:

AGGGCCCTTTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATTTACCTCGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCC
GCCGGGGGGCTCACGCCCCGGGCCCGCGCCGCGGAAGACCCCCGAAGCTCTGCCTGAAGATTGTCGTCTG
AGTGAAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCACAACGGATCTCTGGGTTCCGGCATCGATGA

Reinkultur 16

ITS1 (forward):

GGGATGTTTATAACCTTTGTTGTCCGACTCTGTTGCCTCCGGGGCGACCCTGCCTTCGGGCGGGGGCTCCG
GGTGACACTTCAAACCTTTCGCTAACTTTGCAGTCTGAGTAACTTAATTAATAAATTAATAAATTTAACAACG
GATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGA
ATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTAC
CACTCAAGCCTCGTTGGTATTGGGCAACGCGGTCCGCCGCGTGCCTCAAATCGTCCGGCTGGGTCTTCTGTC
CCCTAAGCGTTGTGAAAATATTTCGCTAAAGGGTGTTCGGGAGGCTACGCCGTAACAACCCCATTTCTAAG
GTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAGATTTCTC

ITS4 (reverse):

CAATACCAAGCGAGGCTTGAGTGGTGAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCCGGAATACCAGGGGGCGCA
ATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCATGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCA
TCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTTTAATTTATTAATTAAGTTTACTCAAACGAAAGTTAC
GCAAGAGTTTGAAGTGTCCACCCGGAGCCCCGCCCCGAAGGCAGGGTCCGCCCGGAGGCAACAGAGTCGGA
CAACAAAGGGTTATGAACATCCCGGCCGTAGCCGGGGTCACTTGAATGATCCCTCCGCAGGTTACCTACGG
AAACATCA

Ausgerichtete Sequenz:

CAATACCAAGCGAGGCTTGAGTGGTGAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCCGGAATACCAGGGGGCGCA
ATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCATGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCA
TCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTTTAATTTATTAATTAAGTTTACTCAAACGAAAGTTAC
GCAAGAGTTTGAAGTGTCCACCCGGAGCCCCGCCCCGAAGGCAGGGTCCGCCCGGAGGCAACAGAGTCGGA
CAACAAAGGGTTATGAACATCCCGGCCGTAGCCGGGGTCACTTGAATGATCCCTCCGCAGGTTACCTACGG
AAACATCA

Reinkultur 17

ITS1 (forward):

GTAAGAAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTGGGACTTAAAC
ATGGTAGGCCTTACGGTTTACCGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACCTAAAC
AATGATTTAATAATCTGTTTAAAACAACCTTTCACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG

CGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTG
GTATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTCGTGGAATT
GGGATGCGCCGATTTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCCTATTACAGCAGTTTGGC
CTAATAGTTTTGACTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAAC
ATTTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTACTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATG
TAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTT
TAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACGACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGC
TCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCA
CTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTT
GTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATAAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATT
GTTTTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAA
AAGGAAAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCTACGGAAG

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATGTAGCC
AAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTTAGGA
GTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACGACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCATG
ATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCACTGAA
TTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGA
AAGTTGTTTTAAACAGATTATAAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATTGTTTT
TGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAGGA
AAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCTT

Reinkultur 18

ITS1 (forward):

ATTCGAAGATCTTTTCCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTTGGGACTTAAACATGATACACCTTACGGT
GTATCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATAAAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTCCTGATTTTCGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGGATTTCCAGAAGCAAATGG
AGCCCAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAGTAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTT
AGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACATCATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCT
CATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGGGCGTTCAAAGATTTCGATGATTAC
TGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTG
TTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATAAAATCAATTGTTTAGTTTCAGTAAGTTTTTTAAAAGG

Ausgerichtete Sequenz: Fehlt

Reinkultur 19

ITS1 (forward):

AAATAATTTTGGGCTCGTCCATTATTATCTATTTACTGTGAACTGTATTACTTTCGCTTGAGGGATGCTCC
ACTGCTATAAGGATAGGCGGTGGGGATGTTAACCGAGTCATAGTCAAGCTTAGGCTTGGTATCCTATTATTATT
TACCAAAAGAATTCAGAATTAATATTGTAACATAGACCTAAAAATCTATAAAAACACTTTTAAACACGGATCTC
TTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCATAACTAGTGTGAATTGCATATTCAGTGAATCATCGA
GTCTTTGAACGCAACTTGCCTCATTGGTATTCCAATGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAAAACAAACCCTCTAT
CCAACATTTTTGTTGAATAGGAATATTGAGAGTCTTTGATCTATTCTGATCTCGAACCTCTTGAATGTACAAA
GGCCTGATCTTGTGTTGAATGCCTGAACTTTTTTTTAAATAAAGAGAAGCTCTTGGGTAACCTGTGCTGGGGC

CTCCCAAATAATACTCTTTTTAAATTTGATCTGAAATCAGGCGGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA
GACGGAGGAAAA

ITS4 (reverse):

AACCGCCTGATTTAGATCAAATTTAAAAAGAGTATTATTTGGGAGGCCCCAGCACAGTTTACCGCAAGAGCTT
CTCTTTATATTAATAAAAAAGTTTCAGGCATTCAAACAAGATCAGGCCTTTGTACATTTCAAGAGTTTCGAGATCA
GAATAGATCAAGAGACTCTCAATATTCTATTCAACAAAAATGTTGGATAGAGGGTTTGTGTTTACTGAAAC
AGGCGTGCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTC
ACACTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTA
TAGATTTTTTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTTCTTTGGTAAATAATAATAGGATACCAAGCCTAAG
CTTGACTATGACTCGGTTAACATCCCCACCGCCTATCCTTATAGCAGTGGAGCATCCCTCAAGCGTCAAGTAAT
AATACAGTTCACAGTAAATAGATAATAATGGACGAGCCAAAATTATTGATTATTTAATGATCCTTCCGCAGGTC
ACCCTTACGGGAAG

Ausgerichtete Sequenz:

CCGCCTGATTTAGATCAAATTTAAAAAGAGTATTATTTGGGAGGCCCCAGCACAGTTTACCGCAAGAGCTTCT
CTTTATATTAATAAAAAAGTTTCAGGCATTCAAACAAGATCAGGCCTTTGTACATTTCAAGAGTTTCGAGATCAGA
ATAGATCAAGAGACTCTCAATATTCTATTCAACAAAAATGTTGGATAGAGGGTTTGTGTTTACTGAAACAG
GCGTGCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTCACA
CTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAG
ATTTTTTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTTCTTTGGTAAATAATAATAGGATACCAAGCCTAAGCTTG
ACTATGACTCGGTTAACATCCCCACCGCCTATCCTTATAGCAGTGGAGCATCCCTCAAGCGTCAAGTAATAATA
CAGTTCACAGTAAATAGATAATAATGGACGAGCCAAAATTATT

Reinkultur 20

ITS1 (forward):

CAGACTATGGGAAGTTGTTGCTGGCCTCTAGGGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAAC
TTTTGATAGATCTGTGAAGTCGTCTCTCAAGTCGTCAGACTTGGTTGCTGGGATTTAAACGTCTCGGTGTGACT
ACGCAGTCTATTTACTTACACACCCCAAATGTATGTCTACGAATGTCATTTAATGGGCCTTGTGCCTTTAAACCA
TAATACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT
GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCTTGGTATTCCGAGGGGCATGCC
TGTTTGAGTGTCAATAAATTCTCAAACCTCACTTTGGTTTCTTTCAAATTGTGATGTTTGGATTGTTGGGGGCTGC
TGGCCTTGACAGGTCGGCTCCTCTTAAATGCATTAGCAGGACTTCTCATTGCCTCTGCGCATGATGTGATAATT
ATCACTCATCAATAGCACGCATGAATAGAGTCCAGCTCTAATCGTCCGCAAGGACAATTTGACAATTTGACC
TCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCC

ITS4 (reverse):

GCCTACTGATTTGAGGTCAATTGTCAAATTGTCCTTGCGGACGATTAGAGAGCTGGACTCTATTCATGCGTGCT
ATTGATGAGTGATAATTATCACATCATGCGCAGAGGCAATGAGAAGTCCTGCTAATGCATTTAAGAGGAGCCG
ACCTGTCAAGGCCAGCAGCCCCCAACAATCAAACATCACAATTGAAAAGAAACCAAAGTGAGTTTGAGAATT
TAATGACACTCAAACAGGCATGCCCTCGGAATACCAAGGGGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCA
CTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTT
GTTGAAAGTTGTATTATGGTTTTAAAGGCACAAGGCCATTAATGACATTCGTAGACATACATTTGGGGTGTGT
AAGTAAATAGACTGCGTAGTCACACCGAGACGTTTTAAATCCCAGCAACCAAGTCTGACGACTTGAGAGACGAC
TTCACAGATCTATCAAAAGTTCACAGGTGGTTGAAAGACTAGTGAAGCGTGACATGCCCTAGAGGCCAGCA
ACAACTCCATAGTGAATTCATTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCTTA

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACTGATTTGAGGTCAATTGTCAAATTGTCCTTGCGGACGATTAGAGAGCTGGACTCTATTCATGCGTGCTA
TTGATGAGTGATAATTATCACATCATGCGCAGAGGCAATGAGAAGTCCTGCTAATGCATTTAAGAGGAGCCGA
CCTGTCAAGGCCAGCAGCCCCCAACAATCAAACATCACAATTGAAAAGAAACCAAAGTGAGTTTGAGAATTT
AATGACACTCAAACAGGCATGCCCTCGGAATACCAAGGGGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTAC
TGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTTG

TTGAAAGTTGTATTATGGTTTAAAGGCACAAGGCCCATTAATGACATTCGTAGACATACATTTGGGGTGTGTA
AGTAAATAGACTGCGTAGTCACACCGAGACGTTTAAATCCCAGCAACCAAGTCTGACGACTTGAGAGACGACT
TCACAGATCTATCAAAAGTTCACAGGTGGTTGAAAGACTAGTGAAGCGTGCACATGCCCTAGAGGCCAGCAA
CAACTCCATAGT

Reinkultur 21

ITS1 (forward):

GGCTGCTTGACTGGCTTGCAGGTGCTCGGCGACTTCCTCTCTCATCCATTAACCCCCTGGG

ITS4 (reverse): TCAAGAGATCAGAGAACGAAGTGTCCATAATGTCTCGACAGAGACAATT

Ausgerichtete Sequenz: Fehlt

Reinkultur 22

ITS1 (forward):

TATGGAAAAACACAGTACACGAATGATTTTCTAAAAGTATTTGGAAAGTTTTATAGGTCGTTGATAGAACAAAA
TACATAATTTTGTAAAAATAAATCACTTTTTATACTAATATGACACGATCACCAATACTTTTGTACTAATATCAT
TAGTATACGCTACACCTTTTCCTCAGACATCTAAAAAATAGGTGATGATGCAACTCTATCATGTAATCGAAATA
ATACAAATGACTACGTTGT

ITS4 (reverse): AGTGATTGGTGTGGGATTGCTCAAGTCCAAA

Ausgerichtete Sequenz: Fehlt

Reinkultur 23

ITS1 (forward): TAAACGAAGTTTACGA

ITS4 (reverse): GCCAATTGTTTTGACGGTA

Ausgerichtete Sequenz: Fehlt

Reinkultur 24

ITS1 (forward): ATTCAAGCCTGCCTCTTCCTCATGAT

ITS4 (reverse): TTGCTTAGTTG

Ausgerichtete Sequenz: Fehlt

Reinkultur 25

ITS1 (forward):

AACAGAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTTGGGACTTAAACA
TGGTAGGCCTTACGGTTTACCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACTAAACA
ATGATTTTAATAATCTGTTTAAAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGC
GAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTGG
TATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTTGTGGAATTG
GGATGCGCCGATTTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCCTATTACAGCAGTTTGGCC

TAATAGTTTTGACTTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAACCTCA
TTTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAAGGAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTACCTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAAT
GTAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACAT
TTTAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGT
GCTCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATT
CACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCG
TTGTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTTCATAAGGATGATATA
TTGTTTTTGGGACCCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATTACATACGGTCAAAGCCAGCAC
AAAGGAAAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGTCACCC

Ausgerichtete Sequenz:

CCTACCTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATGTAGC
CAAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTTAGG
AGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCAT
GATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCAGTGA
ATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTG
AAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTTCATAAGGATGATATATTGTTT
TTGGGACCCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATTACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAGG
AAAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCT

Anhang 10. BLAST-Ergebnisse des Barcodings

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 1

Tabelle 15: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 1.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Mucor brunneoqriseus</u>	972	972	96 %	0,0	99,44 %	546
Mucor racemosus f. racemosus	994	994	99 %	0,0	99,10 %	582
Mucor heilongjiangensis	854	854	97 %	0,0	95,20 %	547
Mucor brunneolus	793	793	97 %	0,0	93,17 %	547
Mucor ctenidius	787	787	100 %	0,0	92,16 %	586
Mucor harpali	787	787	100 %	0,0	92,14 %	584
Mucor pseudocircinelloides	787	787	100 %	0,0	92,10 %	582
Mucor phayaoensis	741	741	96 %	0,0	91,92 %	660
Mucor bainieri	774	774	100 %	0,0	91,89 %	581
Mucor atramentarius	771	771	100 %	0,0	91,74 %	580
Mucor pseudolusitanicus	773	773	100 %	0,0	91,61 %	585
Mucor lusitanicus	765	765	100 %	0,0	91,55 %	614
Mucor janssenii	760	760	100 %	0,0	91,23 %	584
Mucor changshaensis	726	726	97 %	0,0	91,11 %	541
Ellisomyces anomalus	749	749	100 %	0,0	91,02 %	580
Mucor ramosissimus	749	749	100 %	0,0	90,89 %	585
Mucor circinelloides	743	743	99 %	0,0	90,84 %	639
Mucor velutinosus	726	726	98 %	0,0	90,69 %	565
Mucor griseocyanus	728	728	100 %	0,0	90,31 %	583

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 2

Tabelle 16: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 2.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
-----------------	-----------	-------------	-------------	---------	-----------------	-------------

Rhizopus azygosporus	1129	1129	100 %	0,0	100,00 %	641
----------------------	------	------	-------	-----	----------	-----

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 3

Tabelle 17: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 3.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Mucor hiemalis</u>	1007	1007	98 %	0,0	99,82 %	563
Mucor hiemalis f. hiemalis	1026	1026	100 %	0,0	99,64 %	626
Mucor lobatus	767	767	92 %	0,0	93,47 %	521
Mucor fusiformis	791	791	98 %	0,0	92,49 %	597
Mucor donglingensis	749	749	94 %	0,0	92,34 %	541
Mucor breviphorus	719	719	94 %	0,0	91,25 %	542
Mucor homothallicus	682	682	89 %	0,0	90,96 %	528
Mucor fusiformisporus	691	691	94 %	0,0	90,11 %	551

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 4

Tabelle 18: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 4.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
Umbelopsis macrospora	656	656	100 %	0,0	94,82 %	641
Umbelopsis angularis	656	656	100 %	0,0	94,82 %	624
Umbelopsis westeae	651	651	100 %	0,0	94,56 %	588
Umbelopsis swartii	641	641	100 %	0,0	94,12 %	615
Umbelopsis heterosporus	640	640	100 %	0,0	93,94 %	642
Umbelopsis gibberispora	630	630	100 %	0,0	93,85 %	620
Umbelopsis curvata	619	619	100 %	1e-177	92,99 %	712
Umbelopsis tibetica	610	610	96 %	7e-175	93,56 %	609
Umbelopsis oblongispora	599	599	100 %	2e-171	92,64 %	616
Umbelopsis dura	571	571	100 %	3e-163	90,77 %	740
Umbelopsis satunensis	553	553	100 %	1e-157	90,18 %	631

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 5

Tabelle 19: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozensatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 5.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Mortierella rishikesha</u>	<u>1022</u>	<u>1022</u>	<u>100 %</u>	<u>1022</u>	<u>99,29 %</u>	<u>1022</u>
<i>Linnemannia gamsii</i>	907	907	100 %	0,0	95,61 %	597
<i>Linnemannia schmuckeri</i>	902	902	100 %	0,0	95,59 %	591
<i>Linnemannia sclerotiella</i>	898	898	100 %	0,0	95,44 %	594
<i>Linnemannia scordiella</i>	863	863	96 %	0,0	95,43 %	575
<i>Linnemannia camargensis</i>	894	894	100 %	0,0	95,41 %	590
<i>Mortierella histoplasmatoides</i>	852	852	96 %	0,0	95,07 %	539
<i>Linnemannia fatschederae</i>	865	865	100 %	0,0	94,53 %	633
<i>Linnemannia nimbosea</i>	839	839	97 %	0,0	94,38 %	582
<i>Linnemannia solitaria</i>	863	863	100 %	0,0	94,21 %	664
<i>Linnemannia elizabethkennyiae</i>	802	802	97 %	0,0	93,42 %	647
<i>Linnemannia stellaris</i>	817	817	98 %	0,0	93,39 %	581
<i>Linnemannia acrotona</i>	787	787	100 %	0,0	92,09 %	587
<i>Linnemannia zychae</i>	765	765	100 %	0,0	91,26 %	592
<i>Mortierella wuyishanensis</i>	708	708	95 %	0,0	90,98 %	543
<i>Linnemannia longigemmata</i>	737	737	100 %	0,0	90,47 %	593
<i>Linnemannia nantahalensis</i>	721	721	100 %	0,0	90,21 %	582

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 6

Tabelle 20: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozensatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am

wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 6.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Didymella prosopidis</i>	854	854	100 %	0,0	99,79 %	523
<i>Didymella keratinophila</i>	848	848	100 %	0,0	99,57 %	558
<i>Didymella dimorpha</i>	848	848	100 %	0,0	99,57 %	485
<i>Didymella heteroderae</i>	843	843	100 %	0,0	99,36 %	485
<i>Didymella anserina</i>	843	843	100 %	0,0	99,36 %	485
<i>Didymella pedeiaae</i>	843	843	100 %	0,0	99,36 %	485
<i>Didymella maydis</i>	843	843	100 %	0,0	99,36 %	485
<i>Didymella microchlamydospora</i>	843	843	100 %	0,0	99,36 %	485
<i>Didymella coffeae-arabicae</i>	835	835	99 %	0,0	99,35 %	485
<i>Didymella mitis</i>	806	806	95 %	0,0	99,33 %	450
<i>Didymella nigricans</i>	839	839	100 %	0,0	99,14 %	486
<i>Nothophoma anigozanthi</i>	839	839	100 %	0,0	99,14 %	486
<i>Didymella protuberans</i>	837	837	100 %	0,0	99,14 %	485
<i>Didymella subherbarum</i>	837	837	100 %	0,0	99,14 %	485
<i>Didymella sancta</i>	837	837	100 %	0,0	99,14 %	485
<i>Didymella glomerata</i>	837	837	100 %	0,0	99,14 %	485
<i>Nothophoma pruni</i>	835	835	100 %	0,0	99,14 %	485
<i>Didymella combreti</i>	833	833	100 %	0,0	98,93 %	536
<i>Nothophoma infossa</i>	833	833	100 %	0,0	98,93 %	486
<i>Didymella rumicicola</i>	832	832	100 %	0,0	98,93 %	485
<i>Didymella arachidicola</i>	832	832	100 %	0,0	98,93 %	485
<i>Epicoccum proteae</i>	828	828	100 %	0,0	98,72 %	522
<i>Epicoccum brasiliense</i>	828	828	100 %	0,0	98,72 %	486
<i>Didymella ellipsoidea</i>	826	826	100 %	0,0	98,71 %	485
<i>Didymella aurea</i>	826	826	100 %	0,0	98,71 %	485
<i>Didymella calidophila</i>	826	826	100 %	0,0	98,71 %	485
<i>Didymella variabilis</i>	789	789	95 %	0,0	98,66 %	451
<i>Didymella prolaticolla</i>	789	789	95 %	0,0	98,66 %	451
<i>Didymella chlamydospora</i>	785	785	95 %	0,0	98,65 %	552
<i>Epicoccum duchesneae</i>	824	824	100 %	0,0	98,51 %	488
<i>Nothophoma macrospora</i>	822	822	100 %	0,0	98,50 %	497
<i>Epicoccum hordei</i>	822	822	100 %	0,0	98,50 %	487
<i>Didymella longicolla</i>	822	822	100 %	0,0	98,50 %	487
<i>Didymella aquatica</i>	815	815	99 %	0,0	98,49 %	484
<i>Didymella rosea</i>	813	813	99 %	0,0	98,48 %	634
<i>Didymella indica</i>	782	782	95 %	0,0	98,43 %	449

<i>Epicoccum keratinophilum</i>	817	817	100 %	0,0	98,29 %	547
<i>Similiphoma crystallifera</i>	817	817	100 %	0,0	98,29 %	488
<i>Didymella chromolaenae</i>	817	817	100 %	0,0	98,29 %	486
<i>Leptosphaerulina longiflori</i>	815	815	100 %	0,0	98,28 %	485
<i>Macroventuria anomochaeta</i>	815	815	100 %	0,0	98,28 %	484
<i>Didymella exigua</i>	815	815	100 %	0,0	98,28 %	489
<i>Didymella brevopilosa</i>	815	815	100 %	0,0	98,28 %	552
<i>Ectophoma pomi</i>	811	811	99 %	0,0	98,28 %	488
<i>Didymella macrophylla</i>	809	809	99 %	0,0	98,27 %	486
<i>Didymella segeticola</i>	809	809	99 %	0,0	98,27 %	486
<i>Nothophoma variabilis</i>	813	813	100 %	0,0	98,08 %	546
<i>Nothophoma ngayawang</i>	811	811	100 %	0,0	98,08 %	487
<i>Epicoccum huancayense</i>	811	811	100 %	0,0	98,07 %	486
<i>Pseudopithomyces chartarum</i>	809	809	100 %	0,0	98,07 %	484

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 7

Tabelle 21: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 7.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Pestalotiopsis pinicola</i>	952	952	100 %	0,0	99,24 %	608
<i>Pestalotiopsis digitalis</i>	942	942	99 %	0,0	99,24 %	540
<i>Pestalotiopsis brachiata</i>	913	913	96 %	0,0	99,21 %	505
<i>Pestalotiopsis grevilleae</i>	948	948	100 %	0,0	99,06 %	603
<i>Pestalotiopsis rosea</i>	937	937	99 %	0,0	99,04 %	539
<i>Pestalotiopsis clavata</i>	937	937	99 %	0,0	99,04 %	539
<i>Pestalotiopsis hispanica</i>	924	924	98 %	0,0	99,03 %	531
<i>Pestalotiopsis terricola</i>	924	924	98 %	0,0	99,03 %	530
<i>Pestalotiopsis exudata</i>	924	924	98 %	0,0	99,03 %	528
<i>Pestalotiopsis trachycarpicola</i>	931	931	99 %	0,0	98,85 %	540
<i>Pestalotiopsis rhododendri</i>	931	931	99 %	0,0	98,85 %	538
<i>Pestalotiopsis thailandica</i>	937	937	100 %	0,0	98,68 %	567
<i>Pestalotiopsis kenyana</i>	937	937	100 %	0,0	98,68 %	597
<i>Pestalotiopsis oryzae</i>	937	937	100 %	0,0	98,68 %	594
<i>Pestalotiopsis australasiae</i>	937	937	100 %	0,0	98,68 %	582
<i>Pestalotiopsis telopeae</i>	937	937	100 %	0,0	98,68 %	587

<i>Pestalotiopsis rhizophorae</i>	935	935	100 %	0,0	98,68 %	566
<i>Pestalotiopsis parva</i>	935	935	100 %	0,0	98,68 %	600
<i>Pestalotiopsis dracontomelon</i>	924	924	99 %	0,0	98,66 %	538
<i>Pestalotiopsis inflexa</i>	924	924	99 %	0,0	98,66 %	538
<i>Pestalotiopsis biappendiculata</i>	911	911	98 %	0,0	98,64 %	527
<i>Pestalotiopsis colombiensis</i>	924	924	100 %	0,0	98,30 %	590
<i>Pestalotiopsis adusta</i>	915	915	99 %	0,0	98,28 %	539
<i>Pestalotiopsis hydei</i>	878	878	95 %	0,0	98,21 %	518
<i>Pestalotiopsis papuana</i>	918	918	100 %	0,0	98,11 %	604
<i>Pestalotiopsis diploclisiae</i>	918	918	100 %	0,0	98,11 %	592
<i>Pestalotiopsis malayana</i>	918	918	100 %	0,0	98,11 %	591
<i>Pestalotiopsis dracaenicola</i>	900	900	98 %	0,0	98,07 %	532
<i>Pestalotiopsis krabiensis</i>	891	891	97 %	0,0	98,05 %	528
<i>Pestalotiopsis shoreae</i>	907	907	100 %	0,0	97,91 %	598
<i>Pestalotiopsis endophytica</i>	902	902	99 %	0,0	97,90 %	536
<i>Pestalotiopsis diversiseta</i>	896	896	99 %	0,0	97,71 %	538
<i>Pestalotiopsis alloschemones</i>	704	704	78 %	0,0	97,58 %	499
<i>Pestalotiopsis portugallica</i>	902	902	100 %	0,0	97,55 %	596
<i>Pestalotiopsis novae-hollandiae</i>	900	900	100 %	0,0	97,54 %	601
<i>Pestalotiopsis linearis</i>	891	891	99 %	0,0	97,51 %	538
<i>Pestalotiopsis intermedia</i>	889	889	99 %	0,0	97,51 %	537
<i>Pestalotiopsis sequoiae</i>	845	845	94 %	0,0	97,39 %	550
<i>Pestalotiopsis scoparia</i>	896	896	100 %	0,0	97,35 %	602
<i>Pestalotiopsis unicolor</i>	887	887	99 %	0,0	97,33 %	539
<i>Pestalotiopsis australis</i>	891	891	100 %	0,0	97,17 %	602
<i>Pestalotiopsis chinensis</i>	881	881	99 %	0,0	97,14 %	540
<i>Pestalotiopsis spathulata</i>	889	889	100 %	0,0	96,99 %	604
<i>Pestalotiopsis hollandica</i>	887	887	100 %	0,0	96,99 %	605
<i>Pestalotiopsis monochaeta</i>	887	887	100 %	0,0	96,99 %	602
<i>Pestalotiopsis verruculosa</i>	876	876	99 %	0,0	96,95 %	539
<i>Pestalotiopsis yunnanensis</i>	881	881	100 %	0,0	96,80 %	609
<i>Pestalotiopsis dianellae</i>	878	878	100 %	0,0	96,79 %	579
<i>Pestalotiopsis camelliae</i>	869	869	99 %	0,0	96,76 %	537
<i>Pestalotiopsis furcata</i>	869	869	99 %	0,0	96,76 %	538

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 8

Tabelle 22: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder

mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 8.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Trichoderma atroviride</u>	<u>976</u>	<u>976</u>	<u>100 %</u>	<u>0,0</u>	<u>100,00 %</u>	<u>589</u>
Trichoderma nordicum	970	970	100 %	0,0	99,81 %	607
Trichoderma scalesiae	970	970	100 %	0,0	99,81 %	581
Trichoderma neokoningii	957	957	100 %	0,0	99,43 %	577
Trichoderma martiale	957	957	100 %	0,0	99,43 %	562
Trichoderma gamsii	955	955	100 %	0,0	99,43 %	569
Trichoderma dorotheae	950	950	100 %	0,0	99,24 %	606
Trichoderma caribbaeum var. aequatoriale	926	926	98 %	0,0	99,22 %	529
Trichoderma koningiopsis	915	915	96 %	0,0	99,21 %	516
Trichoderma viride	946	946	100 %	0,0	99,05 %	568
Trichoderma caribbaeum var. caribbaeum	944	944	100 %	0,0	99,05 %	658
Trichoderma texanum	944	944	100 %	0,0	99,05 %	585
Trichoderma hispanicum	944	944	100 %	0,0	99,05 %	605
Trichoderma petersenii	944	944	100 %	0,0	99,05 %	573
Trichoderma koningii	944	944	100 %	0,0	99,05 %	618
Trichoderma vinosum	909	909	96 %	0,0	99,02 %	516
Trichoderma taiwanense	909	909	96 %	0,0	99,02 %	516
Trichoderma tibetica	939	939	100 %	0,0	98,86 %	605
Trichoderma nothescens	939	939	100 %	0,0	98,86 %	559
Trichoderma appalachiense	939	939	100 %	0,0	98,86 %	618
Trichoderma intricatum	904	904	96 %	0,0	98,82 %	515
Trichoderma songyi	852	852	91 %	0,0	98,75 %	511
Trichoderma erinaceum	937	937	100 %	0,0	98,68 %	568
Trichoderma virilente	933	933	100 %	0,0	98,67 %	629
Trichoderma viridescens	933	933	100 %	0,0	98,67 %	608
Trichoderma trixiae	928	928	99 %	0,0	98,67 %	558
Trichoderma paraviridescens	928	928	100 %	0,0	98,48 %	591
Trichoderma viridarum	928	928	100 %	0,0	98,48 %	617
Trichoderma neosinense	928	928	100 %	0,0	98,48 %	560
Trichoderma dingleyae	896	896	96 %	0,0	98,43 %	516
Trichoderma strigosellum	852	852	92 %	0,0	98,35 %	485
Trichoderma valdunense	915	915	100 %	0,0	97,92 %	578
Trichoderma ochroleucum	911	911	100 %	0,0	97,92 %	574
Trichoderma strigosum	909	909	100 %	0,0	97,73 %	605
Trichoderma junci	902	902	100 %	0,0	97,54 %	576

<i>Trichoderma yunnanense</i>	893	893	100 %	0,0	97,35 %	599
<i>Trichoderma austrokonigii</i>	893	893	100 %	0,0	97,18 %	577
<i>Trichoderma paucisporum</i>	856	856	96 %	0,0	97,08 %	535
<i>Trichoderma lieckfeldtiaie</i>	883	883	100 %	0,0	96,98 %	577
<i>Trichoderma cerebriforme</i>	883	883	100 %	0,0	96,98 %	594
<i>Trichoderma poronioideum</i>	883	883	100 %	0,0	96,98 %	578
<i>Trichoderma theobromicola</i>	850	850	96 %	0,0	96,88 %	533
<i>Trichoderma asperellum</i>	848	848	96 %	0,0	96,87 %	515
<i>Trichoderma vadicola</i>	876	876	100 %	0,0	96,79 %	601
<i>Trichoderma hamatum</i>	874	874	100 %	0,0	96,78 %	625
<i>Trichoderma evansii</i>	837	837	96 %	0,0	96,65 %	524
<i>Trichoderma pubescens</i>	870	870	100 %	0,0	96,60 %	627
<i>Trichoderma caerulescens</i>	859	859	100 %	0,0	96,22 %	602
<i>Trichoderma neorufoides</i>	857	857	100 %	0,0	96,22 %	561
<i>Trichoderma kunmingense</i>	808	808	94 %	0,0	96,18 %	560

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 9

Tabelle 23: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 9.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Trichoderma hispanicum</i>	970	970	100 %	0,0	100,00 %	605
<i>Trichoderma konigii</i>	970	970	100 %	0,0	100,00 %	618
<i>Trichoderma vinosum</i>	935	935	96 %	0,0	100,00 %	516
<i>Trichoderma dorotheae</i>	965	965	100 %	0,0	99,81 %	606
<i>Trichoderma appalachiense</i>	965	965	100 %	0,0	99,81 %	618
<i>Trichoderma nothescens</i>	963	963	100 %	0,0	99,81 %	559
<i>Trichoderma caribbaeum</i> var. <i>aequatoriale</i>	941	941	98 %	0,0	99,80 %	529
<i>Trichoderma koningiopsis</i>	929	929	96 %	0,0	99,80 %	516
<i>Trichoderma neokonigii</i>	959	959	100 %	0,0	99,62 %	577
<i>Trichoderma caribbaeum</i> var. <i>caribbaeum</i>	959	959	100 %	0,0	99,62 %	658
<i>Trichoderma virilente</i>	959	959	100 %	0,0	99,62 %	629
<i>Trichoderma viridescens</i>	959	959	100 %	0,0	99,62 %	608
<i>Trichoderma petersenii</i>	959	959	100 %	0,0	99,62 %	573
<i>Trichoderma texanum</i>	957	957	100 %	0,0	99,62 %	585
<i>Trichoderma gamsii</i>	957	957	100 %	0,0	99,62 %	569
<i>Trichoderma trixiae</i>	953	953	99 %	0,0	99,62 %	558
<i>Trichoderma taiwanense</i>	924	924	96 %	0,0	99,60 %	516
<i>Trichoderma martiale</i>	955	955	100 %	0,0	99,43 %	562
<i>Trichoderma viride</i>	953	953	100 %	0,0	99,43 %	568
<i>Trichoderma neosinense</i>	953	953	100 %	0,0	99,43 %	560
<i>Trichoderma tibetica</i>	952	952	100 %	0,0	99,43 %	605
<i>Trichoderma paraviridescens</i>	952	952	100 %	0,0	99,43 %	591
<i>Trichoderma viridarium</i>	952	952	100 %	0,0	99,43 %	617
<i>Trichoderma intricatum</i>	917	917	96 %	0,0	99,41 %	515
<i>Trichoderma songyi</i>	861	861	91 %	0,0	99,16 %	511

<i>Trichoderma erinaceum</i>	944	944	100 %	0,0	99,05 %	568
<i>Trichoderma atroviride</i>	944	944	100 %	0,0	99,05 %	589
<i>Trichoderma dingleyae</i>	911	911	96 %	0,0	99,01 %	516
<i>Trichoderma nordicum</i>	941	941	100 %	0,0	98,87 %	607
<i>Trichoderma scalesiae</i>	941	941	100 %	0,0	98,87 %	581
<i>Trichoderma ochroleucum</i>	924	924	100 %	0,0	98,48 %	574
<i>Trichoderma strigosum</i>	917	917	100 %	0,0	98,11 %	605
<i>Trichoderma strigosellum</i>	837	837	92 %	0,0	97,94 %	485
<i>Trichoderma junci</i>	909	909	100 %	0,0	97,91 %	576
<i>Trichoderma austrokingii</i>	907	907	100 %	0,0	97,73 %	577
<i>Trichoderma valdunense</i>	905	905	100 %	0,0	97,73 %	578
<i>Trichoderma yunnanense</i>	902	902	100 %	0,0	97,72 %	599
<i>Trichoderma paucisporum</i>	865	865	96 %	0,0	97,45 %	535
<i>Trichoderma lieckfeldtia</i>	893	893	100 %	0,0	97,34 %	577
<i>Trichoderma cerebriforme</i>	891	891	100 %	0,0	97,34 %	594
<i>Trichoderma poronioideum</i>	891	891	100 %	0,0	97,34 %	578
<i>Trichoderma theobromicola</i>	857	857	96 %	0,0	97,25 %	533
<i>Trichoderma asperellum</i>	856	856	96 %	0,0	97,24 %	515
<i>Trichoderma hamatum</i>	883	883	100 %	0,0	97,14 %	625
<i>Trichoderma evansii</i>	846	846	96 %	0,0	97,03 %	524
<i>Trichoderma vadicola</i>	878	878	100 %	0,0	96,96 %	601
<i>Trichoderma pubescens</i>	880	880	100 %	0,0	96,96 %	627
<i>Trichoderma neorufoides</i>	867	867	100 %	0,0	96,58 %	561
<i>Trichoderma kunmingense</i>	817	817	94 %	0,0	96,57 %	560
<i>Trichoderma caerulescens</i>	861	861	100 %	0,0	96,39 %	602

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 10

Tabelle 24: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 10.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>802</u>	<u>802</u>	<u>82 %</u>	<u>0,0</u>	<u>98,89 %</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	741	741	100 %	0,0	91,34 %	598

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 11

Tabelle 25: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 11.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>797</u>	<u>797</u>	<u>82 %</u>	<u>0,0</u>	<u>98,67 %</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	747	747	100 %	0,0	91,52 %	598

<i>Umbelopsis crustacea</i>	702	702	100 %	0,0	90,11 %	562
-----------------------------	-----	-----	-------	-----	---------	-----

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 12

Tabelle 26: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 12.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Penicillium citreosulfuratum</i></u>	922	922	100 %	0,0	99,60 %	679
<i>Penicillium citreonigrum</i>	911	911	100 %	0,0	99,21 %	602
<i>Penicillium fundyense</i>	905	905	100 %	0,0	99,01 %	581
<i>Penicillium myrtacearum</i>	835	835	93 %	0,0	98,93 %	574
<i>Penicillium cinerascens</i>	894	894	100 %	0,0	98,62 %	602
<i>Penicillium restrictum</i>	876	876	100 %	0,0	97,84 %	605
<i>Penicillium philippinense</i>	837	837	96 %	0,0	97,74 %	505
<i>Penicillium cinereoatrum</i>	837	837	96 %	0,0	97,74 %	505
<i>Penicillium chalabudae</i>	869	869	100 %	0,0	97,64 %	681
<i>Penicillium kurssanovii</i>	869	869	100 %	0,0	97,64 %	592
<i>Penicillium alutaceum</i>	869	869	100 %	0,0	97,63 %	603
<i>Penicillium heteromorphum</i>	832	832	96 %	0,0	97,54 %	505
<i>Penicillium arabicum</i>	819	819	95 %	0,0	97,50 %	480
<i>Penicillium archerae</i>	865	865	100 %	0,0	97,45 %	639
<i>Penicillium meridianum</i>	865	865	100 %	0,0	97,45 %	605
<i>Penicillium chalybeum</i>	813	813	95 %	0,0	97,11 %	506
<i>Penicillium maclennaniae</i>	813	813	95 %	0,0	97,11 %	506
<i>Penicillium burgense</i>	813	813	95 %	0,0	97,11 %	507
<i>Penicillium allaniae</i>	808	808	95 %	0,0	97,08 %	587
<i>Penicillium smithii</i>	808	808	95 %	0,0	96,90 %	506
<i>Penicillium melinii</i>	848	848	100 %	0,0	96,86 %	608
<i>Penicillium aotearoae</i>	848	848	100 %	0,0	96,86 %	585
<i>Penicillium corynephorum</i>	802	802	95 %	0,0	96,69 %	506
<i>Penicillium terrenum</i>	843	843	100 %	0,0	96,67 %	711
<i>Penicillium velutinum</i>	843	843	100 %	0,0	96,67 %	605
<i>Penicillium raciborskii</i>	843	843	100 %	0,0	96,67 %	606
<i>Penicillium diabolicalicense</i>	843	843	100 %	0,0	96,67 %	584
<i>Penicillium katangense</i>	843	843	100 %	0,0	96,66 %	605
<i>Penicillium atrolazulinum</i>	841	841	100 %	0,0	96,66 %	556
<i>Penicillium atosanguineum</i>	833	833	99 %	0,0	96,63 %	509

<i>Penicillium rubefaciens</i>	797	797	95 %	0,0	96,49 %	506
<i>Penicillium decumbens</i>	835	835	100 %	0,0	96,46 %	541
<i>Penicillium xanthomelinii</i>	826	826	99 %	0,0	96,43 %	521
<i>Penicillium fagi</i>	832	832	100 %	0,0	96,27 %	692
<i>Penicillium corylophilum</i>	832	832	100 %	0,0	96,27 %	605
<i>Penicillium pagulum</i>	832	832	100 %	0,0	96,27 %	545
<i>Penicillium momoi</i>	832	832	100 %	0,0	96,27 %	549
<i>Penicillium consobrinum</i>	832	832	100 %	0,0	96,27 %	557
<i>Penicillium dravuni</i>	797	797	100 %	0,0	94,94 %	561
<i>Penicillium rubidurum</i>	785	785	100 %	0,0	94,87 %	598
<i>Penicillium nepalense</i>	752	752	96 %	0,0	94,68 %	503
<i>Penicillium guttulosum</i>	780	780	100 %	0,0	94,67 %	598
<i>Penicillium erubescens</i>	780	780	100 %	0,0	94,67 %	597
<i>Penicillium cantabricum</i>	785	785	100 %	0,0	94,55 %	609
<i>Penicillium aeris</i>	785	785	100 %	0,0	94,55 %	609
<i>Penicillium austriaca</i>	776	776	99 %	0,0	94,50 %	527
<i>Penicillium pimateouiense</i>	774	774	100 %	0,0	94,48 %	598
<i>Penicillium wisconsinense</i>	780	780	100 %	0,0	94,36 %	609
<i>Penicillium parvifructum</i>	773	773	100 %	0,0	94,31 %	550
<i>Penicillium riverlandense</i>	771	771	99 %	0,0	94,30 %	527

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 13

Tabelle 27: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 13.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Penicillium citreonigrum</i>	922	922	100 %	0,0	99,60 %	602
<i>Penicillium fundyense</i>	917	917	100 %	0,0	99,41 %	581
<i>Penicillium myrtacearum</i>	846	846	93 %	0,0	99,36 %	574
<i>Penicillium citreosulfuratum</i>	911	911	100 %	0,0	99,21 %	679
<i>Penicillium cinerascens</i>	905	905	100 %	0,0	99,01 %	602
<i>Penicillium philippinense</i>	848	848	96 %	0,0	98,15 %	505
<i>Penicillium cinereoatrum</i>	848	848	96 %	0,0	98,15 %	505
<i>Penicillium chalabudae</i>	880	880	100 %	0,0	98,03 %	681
<i>Penicillium kurssanovii</i>	880	880	100 %	0,0	98,03 %	592
<i>Penicillium heteromorphum</i>	843	843	96 %	0,0	97,95 %	505
<i>Penicillium arabicum</i>	830	830	95 %	0,0	97,92 %	480

<i>Penicillium archerae</i>	876	876	100 %	0,0	97,84 %	639
<i>Penicillium restrictum</i>	876	876	100 %	0,0	97,84 %	605
<i>Penicillium meridianum</i>	876	876	100 %	0,0	97,84 %	605
<i>Penicillium alutaceum</i>	869	869	100 %	0,0	97,63 %	603
<i>Penicillium allaniae</i>	819	819	95 %	0,0	97,50 %	587
<i>Penicillium chalybeum</i>	819	819	95 %	0,0	97,31 %	506
<i>Penicillium maclennaniae</i>	819	819	95 %	0,0	97,31 %	506
<i>Penicillium burgense</i>	819	819	95 %	0,0	97,31 %	507
<i>Penicillium smithii</i>	813	813	95 %	0,0	97,11 %	506
<i>Penicillium melinii</i>	854	854	100 %	0,0	97,06 %	608
<i>Penicillium aotearoae</i>	854	854	100 %	0,0	97,06 %	585
<i>Penicillium katangense</i>	854	854	100 %	0,0	97,05 %	605
<i>Penicillium corynephorum</i>	808	808	95 %	0,0	96,90 %	506
<i>Penicillium terrenum</i>	848	848	100 %	0,0	96,86 %	711
<i>Penicillium velutinum</i>	848	848	100 %	0,0	96,86 %	605
<i>Penicillium raciborskii</i>	848	848	100 %	0,0	96,86 %	606
<i>Penicillium diabolicalicense</i>	848	848	100 %	0,0	96,86 %	584
<i>Penicillium atosanguineum</i>	839	839	99 %	0,0	96,83 %	509
<i>Penicillium rubefaciens</i>	802	802	95 %	0,0	96,69 %	506
<i>Penicillium atrolazulinum</i>	841	841	100 %	0,0	96,66 %	556
<i>Penicillium xanthomelinii</i>	832	832	99 %	0,0	96,63 %	521
<i>Penicillium fagi</i>	837	837	100 %	0,0	96,47 %	692
<i>Penicillium corylophilum</i>	837	837	100 %	0,0	96,47 %	605
<i>Penicillium momoi</i>	837	837	100 %	0,0	96,47 %	549
<i>Penicillium consobrinum</i>	837	837	100 %	0,0	96,47 %	557
<i>Penicillium decumbens</i>	835	835	100 %	0,0	96,46 %	541
<i>Penicillium pagulum</i>	832	832	100 %	0,0	96,27 %	545
<i>Penicillium dravuni</i>	808	808	100 %	0,0	95,33 %	561
<i>Penicillium rubidurum</i>	797	797	100 %	0,0	95,27 %	598
<i>Penicillium nepalense</i>	763	763	96 %	0,0	95,08 %	503
<i>Penicillium erubescens</i>	791	791	100 %	0,0	95,07 %	597
<i>Penicillium aeris</i>	797	797	100 %	0,0	94,94 %	609
<i>Penicillium austriaca</i>	787	787	99 %	0,0	94,89 %	527
<i>Penicillium guttulosum</i>	785	785	100 %	0,0	94,87 %	598
<i>Penicillium pimateouiense</i>	785	785	100 %	0,0	94,87 %	598
<i>Penicillium wisconsinense</i>	791	791	100 %	0,0	94,75 %	609
<i>Penicillium cantabricum</i>	791	791	100 %	0,0	94,75 %	609
<i>Penicillium riverlandense</i>	782	782	99 %	0,0	94,70 %	527
<i>Penicillium bissettii</i>	785	785	100 %	0,0	94,69 %	583

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 14

Die Qualität der übermittelten Sequenz war für eine Identifizierung nicht ausreichend.

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 15

Tabelle 28: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 15.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Penicillium expansum</u>	929	929	100 %	0,0	99,61 %	608
Penicillium italicum var. avellaneum	878	878	94 %	0,0	99,58 %	507
Penicillium italicum	918	918	100 %	0,0	99,22 %	554
Penicillium ulaiense	867	867	94 %	0,0	99,17 %	507
Penicillium marinum	905	905	100 %	0,0	98,82 %	604
Penicillium concentricum	863	863	95 %	0,0	98,77 %	506
Penicillium robsamsonii	902	902	100 %	0,0	98,63 %	720
Penicillium polonicum	896	896	100 %	0,0	98,43 %	585
Penicillium fimorum	896	896	100 %	0,0	98,43 %	720
Penicillium viridicatum	891	891	100 %	0,0	98,24 %	609
Penicillium nalgiovense	891	891	100 %	0,0	98,24 %	585
Penicillium tricolor	891	891	100 %	0,0	98,24 %	585
Penicillium griseofulvum	891	891	100 %	0,0	98,24 %	584
Penicillium neoechinulatum	856	856	96 %	0,0	98,17 %	543
Penicillium bifforme	848	848	95 %	0,0	98,16 %	508
Penicillium fuscoglaucum	887	887	100 %	0,0	98,05 %	704
Penicillium caseifulvum	887	887	100 %	0,0	98,05 %	585
Penicillium cavernicola	887	887	100 %	0,0	98,05 %	592
Penicillium solitum	887	887	100 %	0,0	98,05 %	610
Penicillium speluncae	887	887	100 %	0,0	98,05 %	713
Penicillium palitans	887	887	100 %	0,0	98,05 %	607
Penicillium commune	887	887	100 %	0,0	98,05 %	586
Penicillium cyclopium	885	885	100 %	0,0	98,04 %	567
Penicillium flavigenum	885	885	100 %	0,0	98,04 %	585
Penicillium albocoremium	885	885	100 %	0,0	98,04 %	560
Penicillium compactum	885	885	100 %	0,0	98,04 %	566
Penicillium melanoconidium	881	881	100 %	0,0	97,85 %	585
Penicillium aurantiogriseum	881	881	100 %	0,0	97,85 %	607

<i>Penicillium freii</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	595
<i>Penicillium hirsutum</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	587
<i>Penicillium thymicola</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	606
<i>Penicillium verrucosum</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	609
<i>Penicillium goetzii</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	585
<i>Penicillium halotolerans</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	585
<i>Penicillium chrysogenum</i>	880	880		100 %	0,0	97,85 %	585
<i>Penicillium clavigerum</i>	880	880		100 %	0,0	97,84 %	694
<i>Penicillium gladioli</i>	876	876		100 %	0,0	97,66 %	608
<i>Penicillium crustosum</i>	876	876		100 %	0,0	97,66 %	610
<i>Penicillium mononematosum</i>	876	876		100 %	0,0	97,66 %	586
<i>Penicillium hordei</i>	876	876		100 %	0,0	97,66 %	719
<i>Penicillium lanosocoeruleum</i>	874	874		100 %	0,0	97,65 %	560
<i>Penicillium vanluykii</i>	874	874		100 %	0,0	97,65 %	585
<i>Penicillium rubens</i>	874	874		100 %	0,0	97,65 %	585
<i>Penicillium aethiopicum</i>	872	872		100 %	0,0	97,65 %	546
<i>Penicillium turbatum</i>	869	869		100 %	0,0	97,46 %	605
<i>Penicillium kewense</i>	867	867		100 %	0,0	97,46 %	583
<i>Penicillium molle</i>	867	867		100 %	0,0	97,46 %	607
<i>Penicillium glandicola</i>	869	869		100 %	0,0	97,45 %	608
<i>Penicillium brevistipitatum</i>	869	869		100 %	0,0	97,45 %	566
<i>Penicillium paneum</i>	867	867		100 %	0,0	97,45 %	583

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 16

Tabelle 29: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 16.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Cladosporium chasmanthicola</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	589
<i>Cladosporium pseudochalastosporoides</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	599
<i>Cladosporium setoides</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	517
<i>Cladosporium welwitschiicola</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	535

<i>Cladosporium puyae</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	638
<i>Cladosporium ipereniae</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	633
<i>Cladosporium austroafricanum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	622
<i>Cladosporium angustiterminale</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	607
<i>Cladosporium crousii</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	536
<i>Cladosporium phaenocomae</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	635
<i>Cladosporium varians</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	634
<i>Cladosporium oxysporum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	640
<i>Cladosporium tenuissimum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	587
<i>Cladosporium subuliforme</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	617
<i>Cladosporium exile</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	500
<i>Cladosporium globisporum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	476
<i>Cladosporium myrtacearum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	633
<i>Cladosporium angustisporum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	511
<i>Cladosporium iranicum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	498
<i>Cladosporium funiculosum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	634
<i>Cladosporium colocasiae</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	630
<i>Cladosporium montecillanum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	639
<i>Cladosporium gamsianum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	498
<i>Cladosporium australiense</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	640
<i>Cladosporium asperulatum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	640
<i>Cladosporium pini-ponderosae</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	649
<i>Cladosporium colombiae</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	653
<i>Cladosporium chubutense</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	633
<i>Cladosporium ramotenellum</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	498
<i>Cladosporium silenes</i>	579	579	100 %	1e-165	99,68 %	476
<i>Cladosporium angustiterbarum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	598
<i>Cladosporium rhusicola</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	639
<i>Cladosporium versiforme</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	536
<i>Cladosporium subcinereum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	543
<i>Cladosporium antarcticum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	567
<i>Cladosporium phlei</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	643
<i>Cladosporium cucumerinum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	639
<i>Cladosporium variabile</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	540
<i>Cladosporium tenellum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	499
<i>Cladosporium spinulosum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	499

<i>Cladosporium macrocarpum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	564
<i>Cladosporium herbarum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	509
<i>Cladosporium allacinum</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	503
<i>Cladosporium herbaroides</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	499
<i>Cladosporium iridis</i>	568	568	98 %	3e-162	99,68 %	475
<i>Cladosporium parapendielloides</i>	573	573	100 %	7e-164	99,37 %	590
<i>Cladosporium longicatenatum</i>	573	573	100 %	7e-164	99,37 %	635
<i>Cladosporium exasperatum</i>	573	573	100 %	7e-164	99,37 %	640
<i>Cladosporium grevilleae</i>	562	562	98 %	1e-160	99,35 %	613
<i>Cladosporium langeronii</i>	568	568	100 %	3e-162	99,05 %	475

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 17

Tabelle 30: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank)). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 17.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>800</u>	<u>800</u>	<u>83 %</u>	<u>0,0</u>	<u>98,68 %</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	741	741	100 %	0,0	91,34 %	598

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 18

Tabelle 31: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank)). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ITS4-Sequenz von Reinkultur 18.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>702</u>	<u>702</u>	<u>98 %</u>	<u>0,0</u>	<u>96,71 %</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	562	562	95 %	2e-160	91,57 %	598
<i>Umbelopsis crustacea</i>	566	566	97 %	2e-161	91,10 %	562
<i>Umbelopsis autotrophica</i>	527	527	95 %	7e-150	90,12 %	575

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 19

Tabelle 32: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 19.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Mucor circinelloides</u>	1029	1029	100 %	0,0	99,64 %	639
Mucor ctenidius	941	941	99 %	0,0	96,98 %	586
Mucor janssenii	922	922	99 %	0,0	96,43 %	584
Mucor pseudolusitanicus	915	915	99 %	0,0	96,09 %	585
Mucor pseudocircinelloides	911	911	99 %	0,0	96,07 %	582
Mucor velutinosus	896	896	98 %	0,0	96,02 %	565
Mucor atramentarius	902	902	99 %	0,0	95,90 %	580
Mucor bainieri	904	904	99 %	0,0	95,89 %	581
Mucor griseocyaneus	900	900	99 %	0,0	95,71 %	583
Ellisomyces anomalus	896	896	99 %	0,0	95,71 %	580
Mucor lusitanicus	896	896	99 %	0,0	95,71 %	614
Mucor phayaoensis	850	850	96 %	0,0	95,35 %	660
Mucor ramosissimus	885	885	99 %	0,0	95,19 %	585
Mucor changshaensis	835	835	96 %	0,0	94,81 %	541
Mucor amethystinus	811	811	99 %	0,0	92,44 %	607
Mucor heilongjiangensis	769	769	96 %	0,0	92,42 %	547
Mucor racemosus f. racemosus	754	754	100 %	0,0	90,96 %	582
Mucor brunneogriseus	717	717	96 %	0,0	90,72 %	546
Pirella naumovii	460	550	79 %	1e-129	90,56 %	641
Mucor harpali	726	726	99 %	0,0	90,20 %	584

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 20

Tabelle 33: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 20.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Pleurotus ostreatus</u>	1051	1051	98 %	0,0	98,82 %	630

<i>Pleurotus ferulaginis</i>	883	883	100 %	0,0	93,72 %	622
------------------------------	-----	-----	-------	-----	---------	-----

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 21

Die Qualität der erhaltenen Sequenz reichte für eine Identifizierung nicht aus.

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 22

Die Qualität der erhaltenen Sequenz reichte für eine Identifizierung nicht aus.

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 23

Die Qualität der erhaltenen Sequenz reichte für eine Identifizierung nicht aus.

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 24

Die Qualität der erhaltenen Sequenz reichte für eine Identifizierung nicht aus.

BLAST-Ergebnisse Reinkultur 25


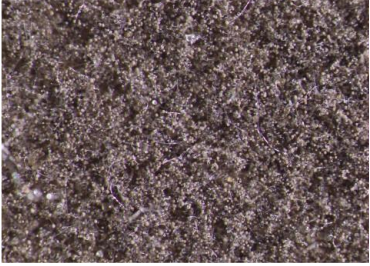
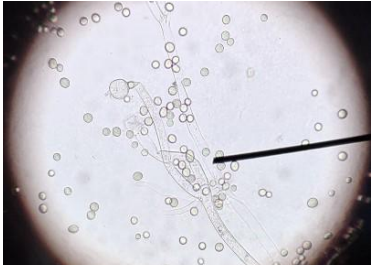
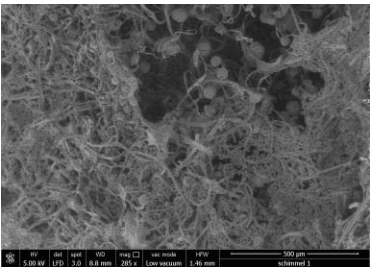
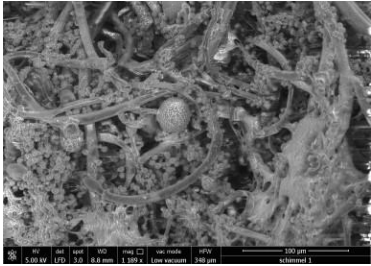
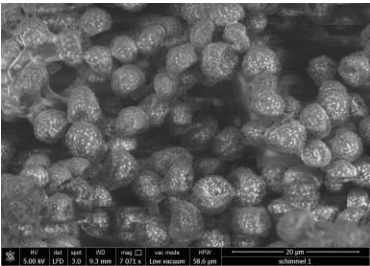
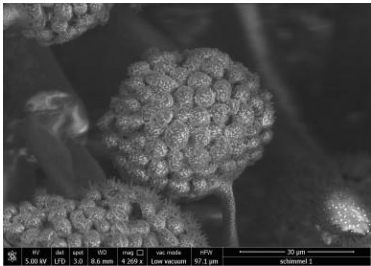
Tabelle 34: Identifizierungsergebnisse, die mittels BLAST erhalten wurden, mit wissenschaftlichem Namen, Höchst- und Gesamtwert, Query Cover-Wert (übereinstimmender Anteil der Sequenz, E-Wert, Identitätsprozentsatz und accession length (Länge der Sequenz in der Datenbank). Grau hinterlegte Zeilen liegen außerhalb der Schwellenwerte (mind. 70 % Query Cover, mind. 94 % oder mind. 97 % Identität, maximal 5 Zeilen). Die unterstrichene Identifikation wurden als am wahrscheinlichsten ausgewählt. Ergebnisse basierend auf der ausgerichteten Sequenz aus Reinkultur 25.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>802</u>	<u>802</u>	<u>82 %</u>	<u>0,0</u>	<u>98,89 %</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	741	741	100 %	0,0	91,34 %	598

Anhang 11. Übersicht über die zwanzig identifizierten Schimmelpilze mit Fotos

Reinkultur 1

Mucor cf. brunneogriseus

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: zwart• Structuur: matig gepluisd• Groeiwijze: over gehele voedingsbodem, snel sporenvormend• Afbraak: cellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	

Reinkultur 2

Rhizopus azygosporus

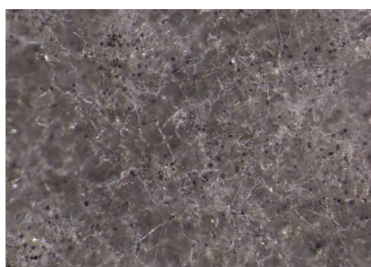
Beschrijving

- Kleur: lichtgrijs
- Structuur: dik, lang pluis
- Groeiwijze: over gehele voedingsbodem, snel sporenvormend
- Afbraak: cellulose

Reincultuur



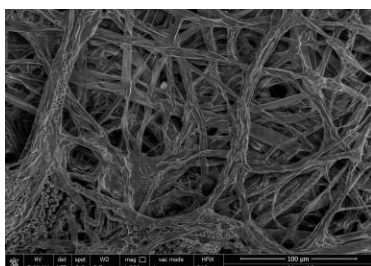
Stereomicroscop (2x)



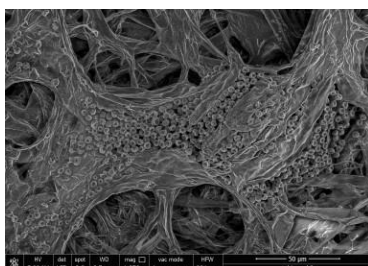
Microscop (400x)



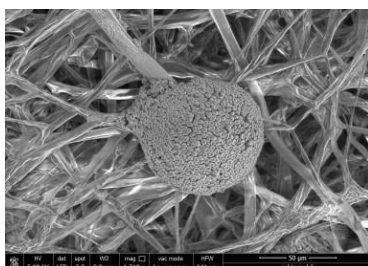
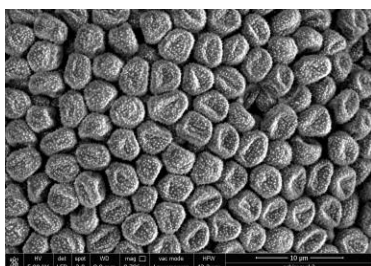
SEM draden



SEM sporenvorming



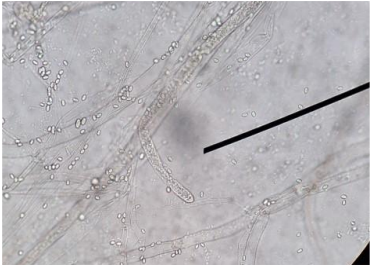
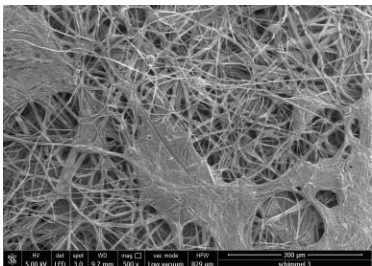

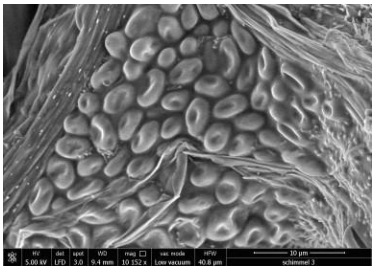



SEM sporen



Reinkultur 3

Mucor hiemalis

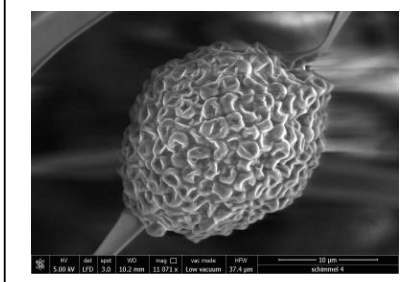
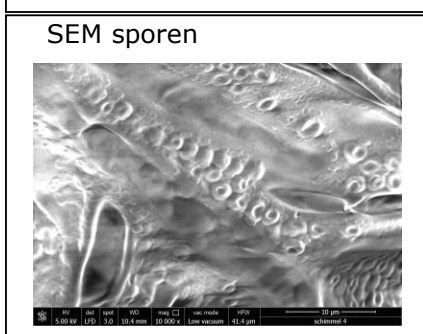
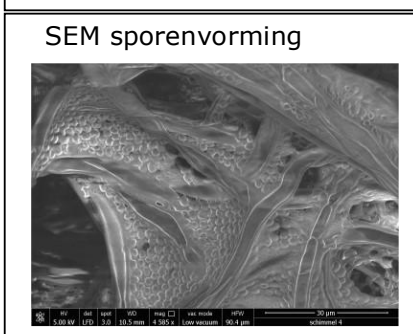
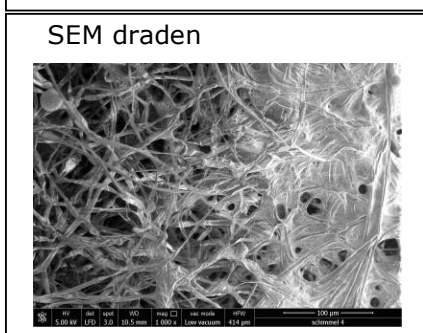
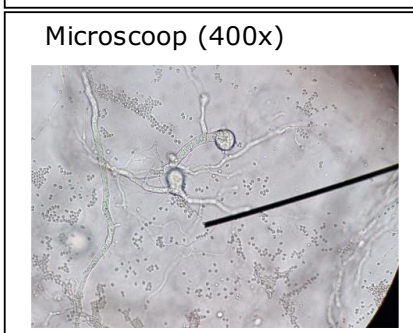
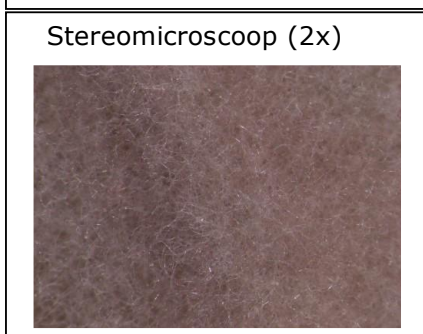
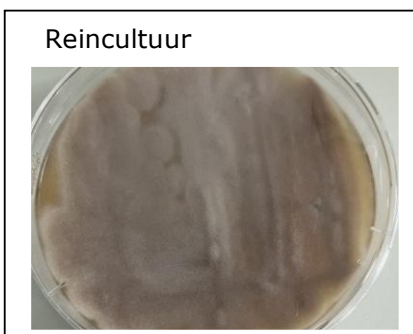
<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: beige tot lichtgrijs• Structuur: dik, lang pluis• Groeiwijze: over gehele voedingsbodem, snel sporenvormend• Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	

Reinkultur 4

Umbelopsis sp.

Beschrijving

- Kleur: rossig/bruin
- Structuur: matig gepluisd, zacht
- Groeiwijze: rafelige, ronde kolonies
- Afbraak: niet beschreven




Reinkultur 5

Mortierella rishikेशa

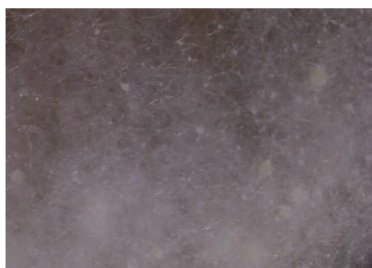
Beschrijving

- Kleur: wit
- Structuur: dun pluis
- Groeiwijze: visuele golven
- Afbraak: niet beschreven


Reincultuur



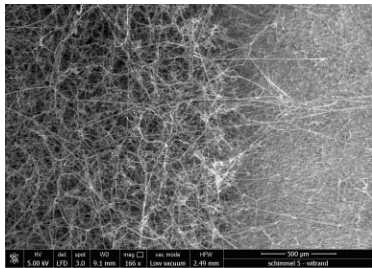
Stereomicroscop (2x)



Microscop (400x)

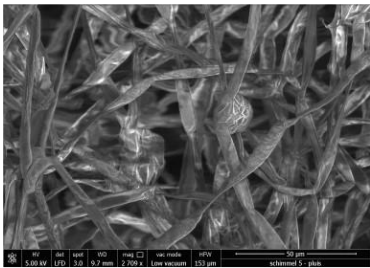


SEM draden



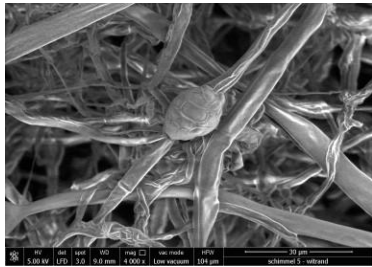
5.00 kV XFD 3.0 13.3 mm 150x Low vacuum 2.10 µm schimmel 5 - uitland

SEM sporenvorming



5.00 kV XFD 3.0 9.7 mm 2.200x Low vacuum 150 µm schimmel 5 - uitland




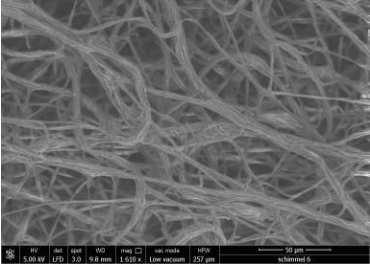
SEM sporen



5.00 kV XFD 3.0 13.0 mm 4.000x Low vacuum 104 µm schimmel 5 - uitland



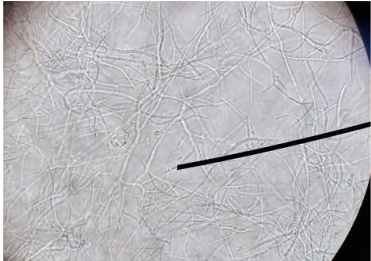
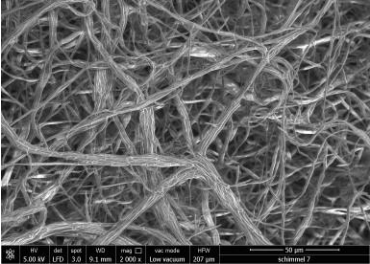
Reinkultur 6

Didymella cf. prosopidis

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit met roze, donkere kern• Structuur: matig gepluisd• Groeiwijze: licht rafelige rand• Afbraak: lignine	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

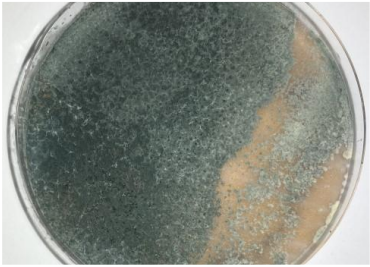
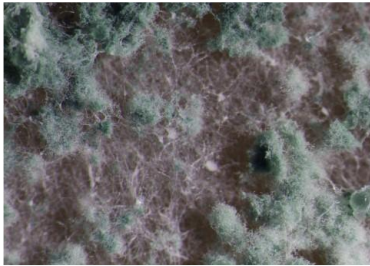

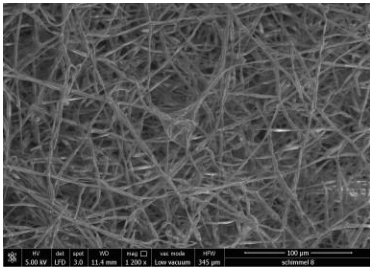
Reinkultur 7

Pestalotiopsis sp.

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit met roze• Structuur: matig gepluisd• Groeiwijze: cirkelvormig, licht rafelige rand• Afbraak: lignine, mogelijk cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

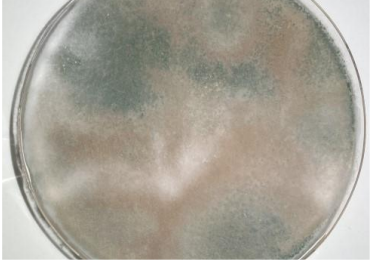
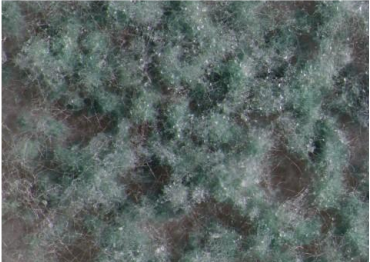

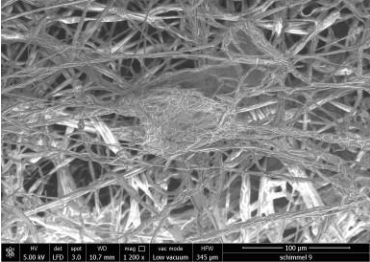
Reinkultur 8

Trichoderma atroviride

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit met groene sporen• Structuur: dun, lang pluig• Groeiwijze: uitlopend• Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>  <p>5.00 kV X20.0 11.4 mm 1.000x Low vacuum 340 µm</p>	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

Reinkultur 9

Trichoderma sp.

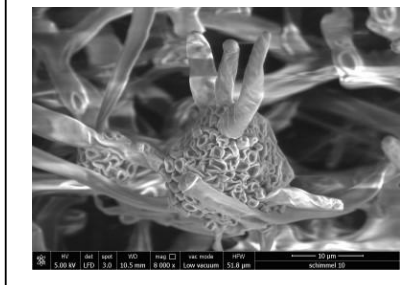
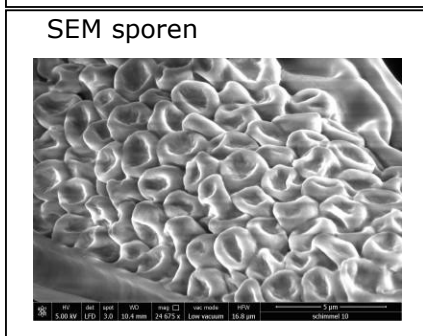
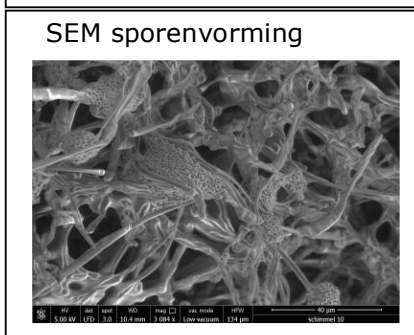
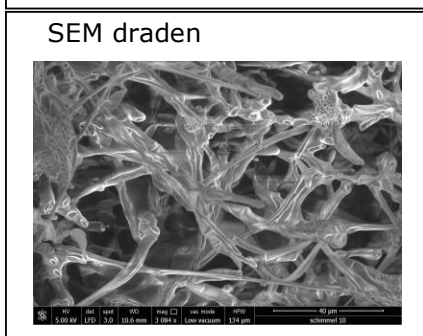
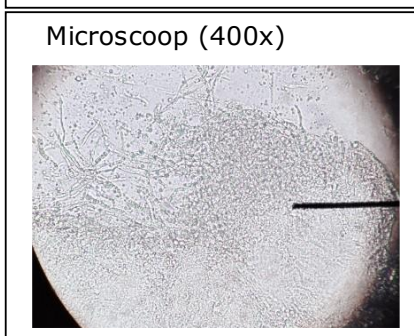
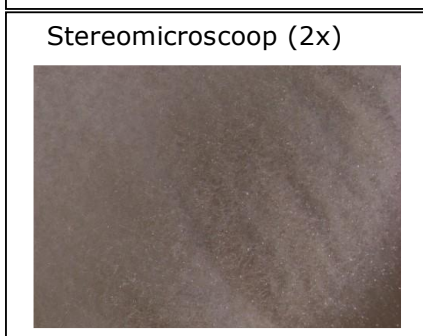
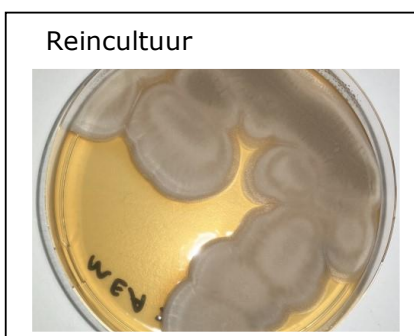
<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit met groene sporen• Structuur: dun, lang pluig• Groeiwijze: uitlopend• Afbraak: mogelijk lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

Reinkultur 10

Umbelopsis brunnea

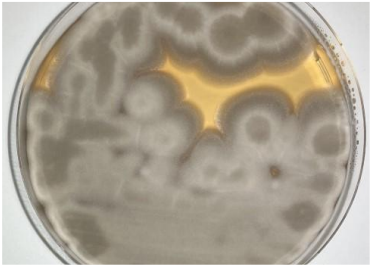


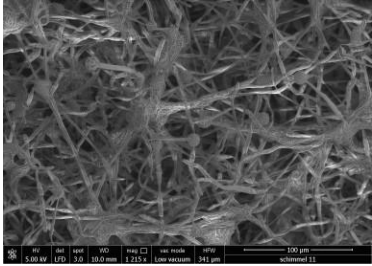
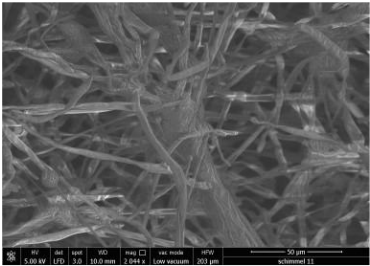
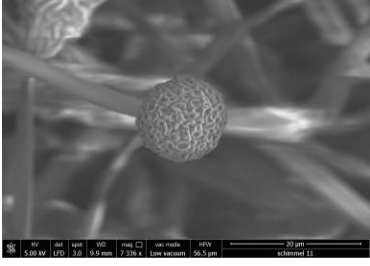
Beschrijving

- Kleur: wit tot beige
- Structuur: matig gepluisd, zacht
- Groeiwijze: rafelige, ronde kolonies
- Afbraak: niet beschreven






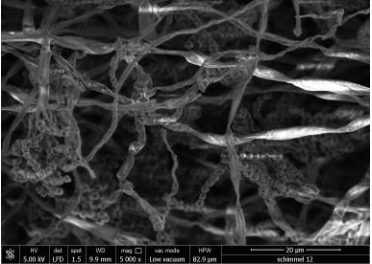
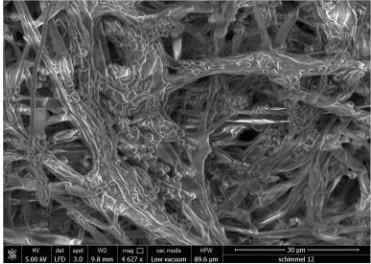
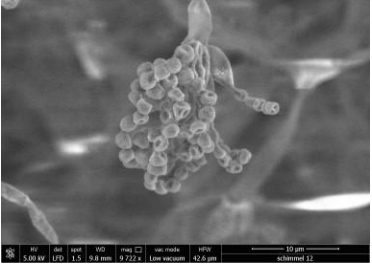
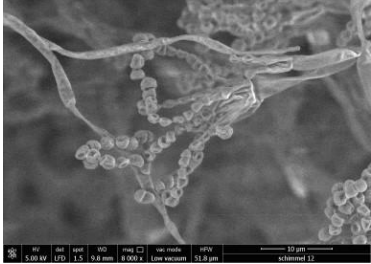
Reinkultur 11

Umbelopsis brunnea

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit, beige tot grijs• Structuur: matig gepluisd, zacht• Groeiwijze: rafelige, ronde kolonies• Afbraak: niet beschreven	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>  <p>5.00 kV X10.0k 10.0mm 1.22E+4 Low vacuum 341µm schimmel11</p>	<p>SEM sporenvorming</p>  <p>5.00 kV X10.0k 10.0mm 7.01E+4 Low vacuum 203µm schimmel11</p>
<p>SEM sporen</p>	 <p>5.00 kV X7.50k 9.4mm 7.35E+4 Low vacuum 56.5µm schimmel11</p>


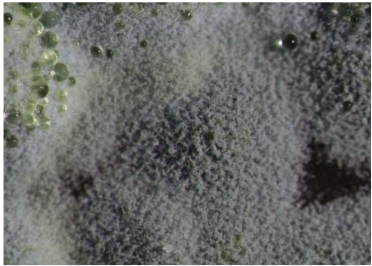

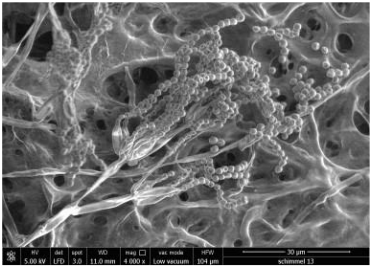
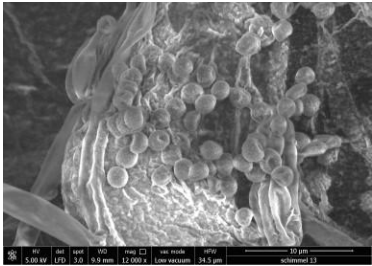
Reinkultur 12

Penicillium cf. citreosulfuratum

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: groen met wit• Structuur: dik, kort pluis• Groeiwijze: gladde, ronde kolonies• Afbraak: lignine, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	



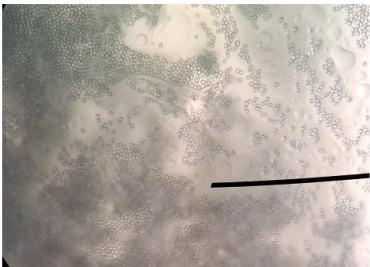
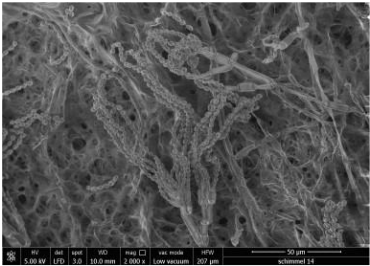
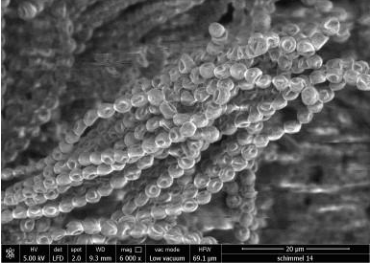
Reinkultur 13

Penicillium cf. citreonigrum

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit, geel en groen• Structuur: dik, kort pluig• Groeiwijze: gladde, ronde kolonies• Afbraak: niet beschreven	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	

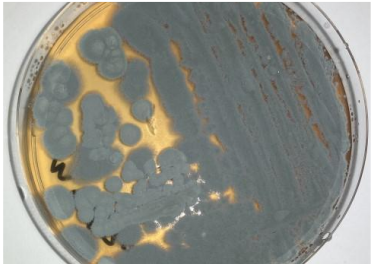


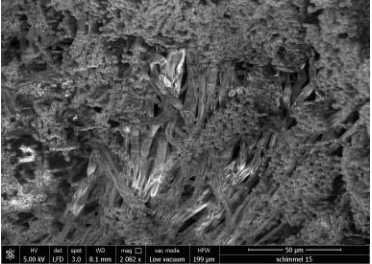
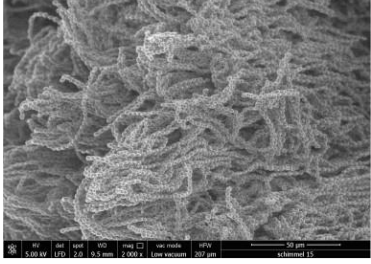

Reinkultur 14

Penicillium sp.

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: blauwgroen met wit• Structuur: dik, kort pluis• Groeiwijze: gladde, ronde kolonies• Afbraak: mogelijk lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	

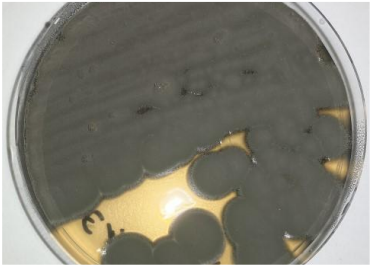
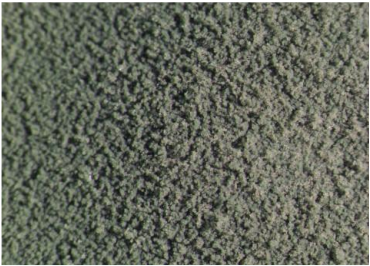
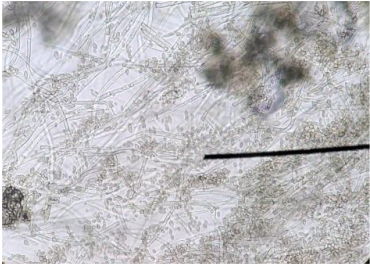
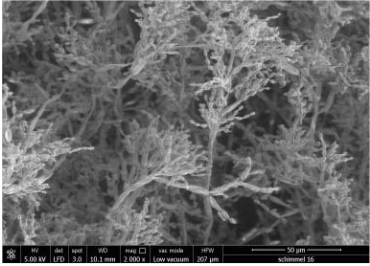
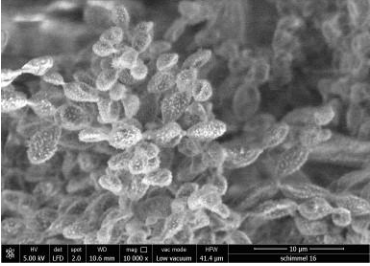
Reinkultur 15

Penicillium cf. expansum

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: blauwgroen• Structuur: dik, kort pluig, poederig• Groeiwijze: gladde, ronde kolonies• Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	


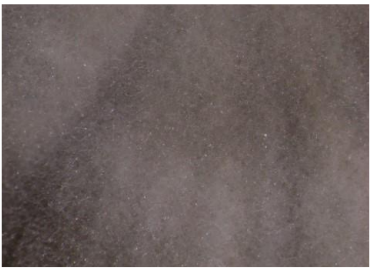
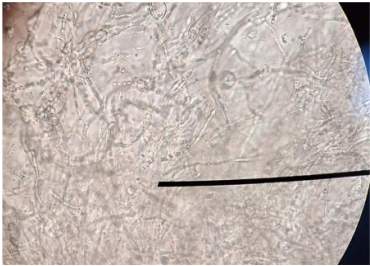
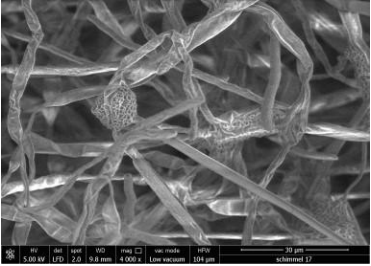
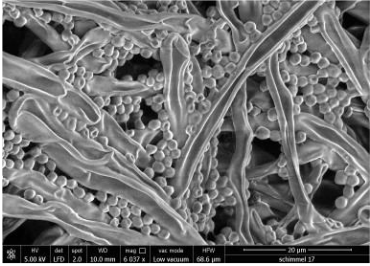
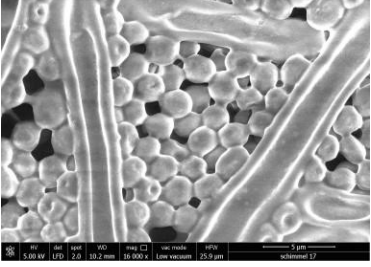
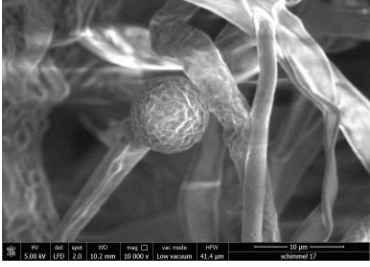
Reinkultur 16

Cladosporium sp.

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: groen• Structuur: dik, kort pluis, poederig• Groeiwijze: gladde, ronde kolonies• Afbraak: mogelijk lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	

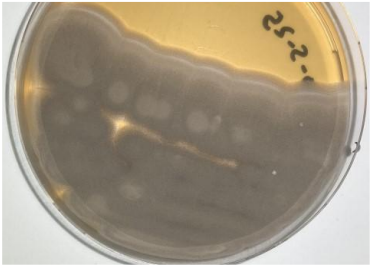


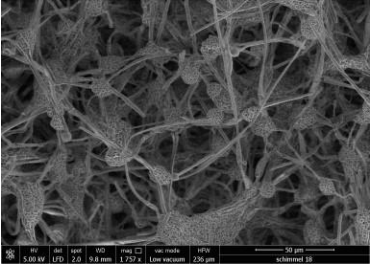
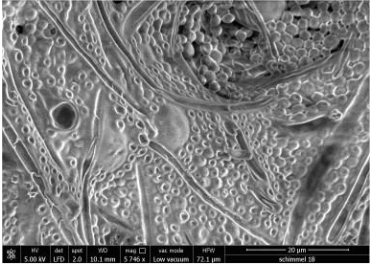
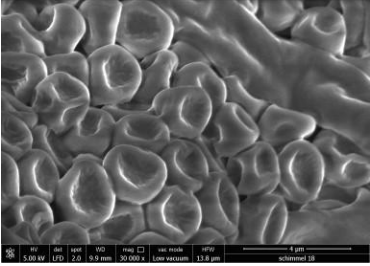
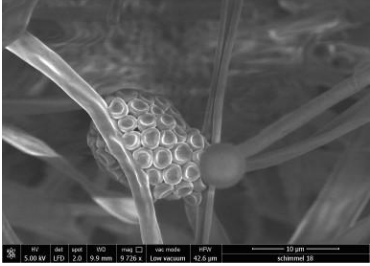
Reinkultur 17

Umbelopsis brunnea

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: beige tot grijs• Structuur: matig gepluisd, zacht• Groeiwijze: rafelige, ronde kolonies• Afbraak: niet beschreven	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscoop (2x)</p> 	<p>Microscoop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	


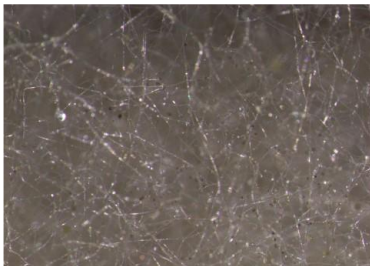

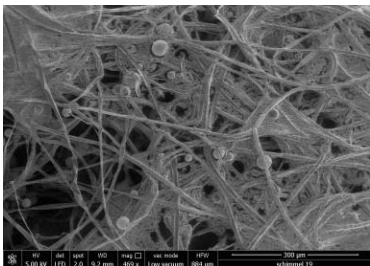
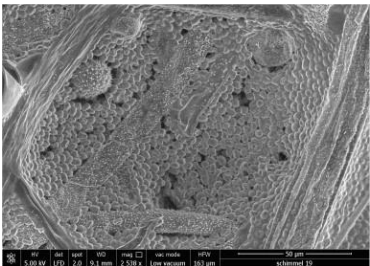
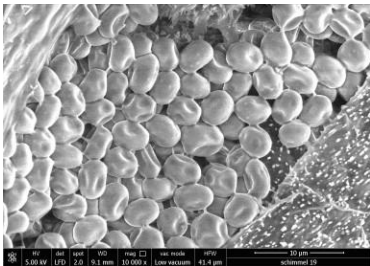
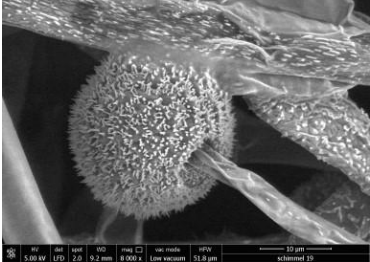
Reinkultur 18

Umbelopsis cf. brunnea

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: beige tot grijs• Structuur: matig gepluisd, zacht• Groeiwijze: rafelige, ronde kolonies• Afbraak: niet beschreven	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	



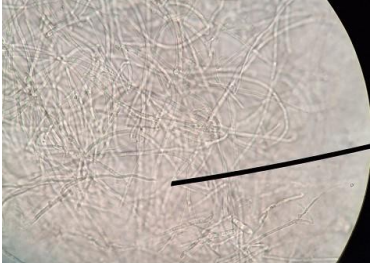
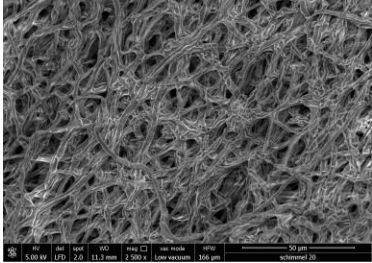
Reinkultur 19

Mucor circinelloides

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: donkergrijs• Structuur: dik, lang, draderig pluis• Groeiwijze: over gehele voedingsbodem, snel sporenvormend• Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p> 
<p>SEM sporen</p> 	

Reinkultur 20

Pleurotus ostreatus (gewone oesterzwam)

<p>Beschrijving</p> <p>Kleur: wit Structuur: dik, lang pluig Groeiwijze: traag uitlopend Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose</p>	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p> 	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

Anhang 12. Ergebnisse des Metabarcodings

2.1.2 Taxonomic Composition of Samples

The following table provides an overview of the identified taxonomic units in each sample. The most specific taxonomic units are listed with their taxonomy level and fraction (k...kingdom, p...phylum, c...class, o...order, f...family, g...genus, s...species). The most specific taxonomic unit is the lowest common taxonomic unit of the listed species (small font). These species came up as best hits of the OTUs representative sequences during the database comparison.

Next to each sample name, the total number of reads of this sample that were assigned to OTUs is given. All taxonomic units with less than 0.1% of reads are collapsed in the category "Other". If the representative sequence of an OTU had no significant database match, no taxonomic unit could be assigned. The total number of reads of these unclassified OTUs is stated as category "Unclassified".

Depending on the type of analysis, some taxonomic units might be removed as they do not match the expected clade, e.g. eukaryotes in a bacterial microbiome analysis. The number of removed reads is stated as category "Filtered". If this category is not listed, no filtering was performed.

Sample Name (read counts)	Taxonomic Level	Taxonomic Unit	Fraction
M1.ITS1b (18 818 reads)			
	p	Ascomycota (92 OTUs with 99-100% identity in 230-257bp to: 2 unclassified Paecilomyces strains, 4 unclassified Penicillium strains, 8 unclassified Aspergillus strains, Aspergillus alabamensis, Aspergillus citrinotereus, Aspergillus hortai, Aspergillus terreus, Blumeria graminis, Byssoschlamys spectabilis, Gloeotinia temulentia, Neobulgaria koningiana, Paecilomyces macinus, Penicillium aeneum, Penicillium citreonigrum, Penicillium citreosulfuratum, Penicillium toxicarium, Polycyphalomyces sinensis, Xylaria psidii)	99.1%
	s	Fuscoporia contigua (1 OTU with 99% identity in 262bp to: Fuscoporia contigua)	0.7%
	g	Aspergillus (2 OTUs with 100% identity in 246-248bp to: 3 unclassified Aspergillus strains, Aspergillus fumigatus, Aspergillus neoellipticus)	0.2%
		Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
		Unclassified (0 reads)	
		Filtered (0 reads)	
M10.ITS1b (12 842 reads)			
	s	Mucor circinelloides (24 OTUs with 99-100% identity in 268-270bp to: Mucor circinelloides)	49.4%
	g	Mucor (16 OTUs with 99-100% identity in 270-286bp to: 8 unclassified Mucor strains, Mucor brunneogriseus, Mucor circinelloides, Mucor corticola, Mucor hiemalis, Mucor plumbeus, Mucor racemosus)	34.8%
	s	Rhizopus microsporus (3 OTUs with 99-100% identity in 399bp to: Rhizopus microsporus)	5.4%
	s	Fuscoporia contigua (1 OTU with 99% identity in 262bp to: Fuscoporia contigua)	3.6%
	k	Eukaryota (2 OTUs with 99-100% identity in 209bp to: 3 unclassified Fusarium strains, Citrullus lanatus, Fusarium caucasicum, Fusarium cf. oxysporum, Fusarium oxysporum, Fusarium verticillioides, Humicola sp.)	3.5%
	s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: Umbelopsis isabellina)	0.9%
	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. tricinatum, Fusarium flocciferum, Fusarium lateritium, Fusarium petasariae, Fusarium redolens, Fusarium reticulatum, Fusarium sambucinum, Fusarium sinensis, Fusarium solani, Fusarium tricinatum)	0.5%
	g	Pseudoascochyta (1 OTU with 100% identity in 199bp to: Pseudoascochyta novae-zelandiae, Pseudoascochyta pratensis)	0.4%
	g	Sordaria (1 OTU with 100% identity in 249bp to: 4 unclassified Sordaria strains, Sordaria fimicola)	0.4%
	g	Trichoderma (1 OTU with 100% identity in 284bp to: 2 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma koningi, Trichoderma longibrachiatum, Trichoderma orientale, Trichoderma reesei, Trichoderma viride)	0.3%
	s	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: Mucor hiemalis)	0.3%
	g	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified Mortierella strains, Mortierella elongata)	0.2%
	s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: Umbelopsis sp. YNW-2018a)	0.2%
	s	Umbelopsis ramanniana (1 OTU with 100% identity in 235bp to: Umbelopsis ramanniana)	0.1%

	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M11.ITS1b (20 194 reads)		
S	Umbelopsis ramanniana (10 OTUs with 97-99% identity in 235-237bp to: <i>Umbelopsis ramanniana</i>)	19.6%
S	Fuscoporia contigua (12 OTUs with 98-99% identity in 262-263bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	19.3%
S	Umbelopsis isabellina (4 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	11.4%
G	Trichoderma (10 OTUs with 99-100% identity in 244-284bp to: 24 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> BT-2012, <i>Trichoderma cf. harzianum</i> MO-2014, <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma gutzhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma lxiil</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma raeael</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma virens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescans</i>)	11.0%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (5 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	10.2%
S	Mucor circinelloides (4 OTUs with 99-100% identity in 268-270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	7.6%
G	Mucor (4 OTUs with 99-100% identity in 270-284bp to: 3 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	5.5%
G	Umbelopsis (1 OTU with 99% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis ramanniana</i> , <i>Umbelopsis sp. GW_OTU28</i>)	5.2%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018e (2 OTUs with 96-97% identity in 241bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018e</i>)	4.5%
S	Umbelopsis sp. JW4023 (1 OTU with 97% identity in 240bp to: <i>Umbelopsis sp. JW4023</i>)	2.5%
G	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella elongata</i>)	1.4%
P	Ascomycota (2 OTUs with 100% identity in 200-235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, 8 unclassified <i>Phoma</i> strains, <i>Alternaria alternata</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Blumeria graminis</i> , <i>Didymella aliena</i> , <i>Didymella americana</i> , <i>Didymella anserina</i> , <i>Didymella glomerata</i> , <i>Didymella heteroderae</i> , <i>Didymella microchlamyospora</i> , <i>Didymella pedatae</i> , <i>Didymella pomorum</i> , <i>Didymella sp.</i> , <i>Monodictys austrina</i> , <i>Paraconiothyrium fucei</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citrosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i> , <i>Pyrenopeziza prosopidis</i> , <i>Pyrenopeziza sp.</i> , <i>Phoma caloplacae</i> , <i>Phoma herbarum</i>)	0.7%
G	Trichosporon (1 OTU with 100% identity in 185bp to: 2 unclassified <i>Trichosporon</i> strains, <i>Trichosporon asahii</i> , <i>Trichosporon faecale</i> , <i>Trichosporon infestans</i> , <i>Trichosporon insectorum</i>)	0.6%
G	Penicillium (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	0.2%
F	Mucoraceae (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Amylomyces rouxii</i> , <i>Mucor circinelloides</i>)	0.2%
G	Spinacia (1 OTU with 100% identity in 273bp to: <i>Spinacia oleracea</i> , <i>Spinacia tetrandra</i>)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M12.ITS1b (19 378 reads)		
G	Mucor (51 OTUs with 98-100% identity in 265-292bp to: 5 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogrubeus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	90.3%
G	Trichoderma (3 OTUs with 100% identity in 245-284bp to: 21 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> BT-2012, <i>Trichoderma cf. harzianum</i> MO-2014, <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma gutzhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma lxiil</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma raeael</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma virens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescans</i>)	2.6%
S	Umbelopsis ramanniana (4 OTUs with 97-99% identity in 235-237bp to: <i>Umbelopsis ramanniana</i>)	2.4%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.4%
S	Mucor racemosus (4 OTUs with 99% identity in 288bp to: <i>Mucor racemosus</i>)	1.3%
G	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 234-235bp to: 6 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium kewense</i> , <i>Penicillium raistrickii</i> , <i>Penicillium sajarovii</i>)	0.9%

P	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citroisulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	0.6%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.5%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M13.ITS1b (19 367 reads)		
G	Mucor (76 OTUs with 99-100% identity in 265-292bp to: 9 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor corticola</i> , <i>Mucor griseocyanus</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	69.8%
S	Mucor saturninus (6 OTUs with 96-100% identity in 309bp to: <i>Mucor saturninus</i>)	11.9%
S	Mucor griseocyanus (3 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: <i>Mucor griseocyanus</i>)	6.2%
S	Mucor circinelloides (3 OTUs with 100% identity in 268-270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	2.7%
S	Carcinomyces effibulatus (1 OTU with 83% identity in 180bp to: <i>Carcinomyces effibulatus</i>)	1.9%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.6%
G	Trichoderma (3 OTUs with 99-100% identity in 245-261bp to: 20 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum BT-2012</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum MO-2014</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothopis</i> , <i>Trichoderma gamstii</i> , <i>Trichoderma guizhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiiopsis</i> , <i>Trichoderma lxi</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma virens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	1.2%
S	Fuscoporia contigua (2 OTUs with 98% identity in 262-263bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	0.9%
S	Acremonium psammosporum (1 OTU with 99% identity in 222bp to: <i>Acremonium psammosporum</i>)	0.7%
S	Monocillium sp. BGE-2018b (1 OTU with 100% identity in 222bp to: <i>Monocillium sp. BGE-2018b</i>)	0.4%
S	Conioscypha pleiomorpha (2 OTUs with 87-88% identity in 195-196bp to: <i>Conioscypha pleiomorpha</i>)	0.4%
P	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citroisulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	0.3%
S	Mortierella jenkinsii (1 OTU with 95% identity in 215bp to: <i>Mortierella jenkinsii</i>)	0.3%
S	Coniophora puteana (1 OTU with 100% identity in 279bp to: <i>Coniophora puteana</i>)	0.3%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.2%
S	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Mucor hiemalis</i>)	0.2%
S	Neostagonospora arrhenatheri (1 OTU with 99% identity in 249bp to: <i>Neostagonospora arrhenatheri</i>)	0.2%
S	Sordaria lappae (1 OTU with 100% identity in 250bp to: <i>Sordaria lappae</i>)	0.2%
S	Trapeliopsis gymnidata (1 OTU with 73% identity in 241bp to: <i>Trapeliopsis gymnidata</i>)	0.2%
G	Trechispora (1 OTU with 82% identity in 278bp to: 2 unclassified <i>Trechispora</i> strains)	0.1%
S	Coniochaeta sp. (1 OTU with 98% identity in 249bp to: <i>Coniochaeta sp.</i>)	0.1%
G	Penicillium (1 OTU with 100% identity in 234bp to: 6 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium adametzioides</i> , <i>Penicillium aragonense</i> , <i>Penicillium corylophilum</i> , <i>Penicillium expansum</i> , <i>Penicillium fusi</i> , <i>Penicillium glabrum</i> , <i>Penicillium spinuloramigenum</i> , <i>Penicillium spinulosum</i> , <i>Penicillium thomii</i>)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M14.ITS1b (17 877 reads)		
G	Trichoderma (29 OTUs with 99-100% identity in 244-281bp to: 11 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothopis</i> , <i>Trichoderma gamstii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	47.3%
G	Mucor (31 OTUs with 99-100% identity in 265-292bp to: 5 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	45.8%

S	Mucor racemosus (2 OTUs with 99-100% identity in 270-288bp to: <i>Mucor racemosus</i>)	2.9%
P	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	2.5%
O	Mucorales (1 OTU with 100% identity in 254bp to: 4 unclassified <i>Rhizopus</i> strains, <i>Amylomyces rouxii</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus stolonifer</i>)	0.8%
G	Sordaria (1 OTU with 100% identity in 249bp to: 4 unclassified <i>Sordaria</i> strains, <i>Sordaria fimicola</i>)	0.5%
S	Coniophora puteana (1 OTU with 100% identity in 279bp to: <i>Coniophora puteana</i>)	0.2%
S	Coniochaeta sp. (1 OTU with 98% identity in 249bp to: <i>Coniochaeta</i> sp.)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M15.ITS1b (21 834 reads)

G	Trichoderma (55 OTUs with 99-100% identity in 242-267bp to: 19 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorotheae</i> , <i>Trichoderma dorotheopsis</i> , <i>Trichoderma gamsei</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningioopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma samuelsii</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma virulenta</i>)	71.1%
G	Mucor (5 OTUs with 99-100% identity in 270-284bp to: 5 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	7.2%
S	Mucor racemosus (4 OTUs with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor racemosus</i>)	5.8%
P	Ascomycota (6 OTUs with 99-100% identity in 233-235bp to: 4 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	5.0%
S	Mucor fragilis (1 OTU with 99% identity in 269bp to: <i>Mucor fragilis</i>)	2.6%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	2.5%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (2 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	1.9%
O	Mucorales (1 OTU with 100% identity in 254bp to: 4 unclassified <i>Rhizopus</i> strains, <i>Amylomyces rouxii</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus stolonifer</i>)	0.6%
S	Sistotremastrum niveocremeum (1 OTU with 99% identity in 262bp to: <i>Sistotremastrum niveocremeum</i>)	0.6%
S	Trichoderma koningii (1 OTU with 100% identity in 266bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.5%
S	Mucor circinelloides (2 OTUs with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	0.5%
G	Naganishia (1 OTU with 100% identity in 227bp to: <i>Naganishia friedmannii</i> , <i>Naganishia globosa</i>)	0.5%
G	Rhodotorula (1 OTU with 100% identity in 210bp to: <i>Rhodotorula glutinis</i> , <i>Rhodotorula kratochvilovae</i>)	0.4%
S	Trichoderma koningioopsis (2 OTUs with 100% identity in 243-267bp to: <i>Trichoderma koningioopsis</i>)	0.3%
G	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella elongata</i>)	0.2%
	Other (4 OTUs with 0.3%)	0.3%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M16.ITS1b (19 576 reads)

G	Trichoderma (61 OTUs with 99-100% identity in 242-284bp to: 22 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorotheae</i> , <i>Trichoderma dorotheopsis</i> , <i>Trichoderma gamsei</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningioopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma raei</i> , <i>Trichoderma samuelsii</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma virulenta</i>)	76.1%
P	Ascomycota (12 OTUs with 99-100% identity in 233-244bp to: 16 unclassified <i>Penicillium</i> strains, 2 unclassified <i>Paecilomyces</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Byssosclamyces spectabilis</i> , <i>Geotrichum candidum</i> , <i>Neobulgaria koningiana</i> , <i>Paecilomyces maximus</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium chrispsenianae</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium commune</i> , <i>Penicillium crustosum</i> , <i>Penicillium cycloptium</i> , <i>Penicillium expansum</i> , <i>Penicillium solitum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i> , <i>Polycephalomyces sinensis</i>)	17.4%
S	Mucor circinelloides (3 OTUs with 100% identity in 268-270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	2.0%

g	Penicillium (4 OTUs with 100% identity in 235-237bp to: 12 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium aurantiocandidum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium cordubense</i> , <i>Penicillium crustosum</i> , <i>Penicillium glandicola</i> , <i>Penicillium mackinnaniae</i> , <i>Penicillium polonicum</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium thomii</i> , <i>Penicillium viridicatum</i>)	1.9%
g	Mucor (2 OTUs with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor</i> sp. BF81)	1.4%
s	Carcinomyces effibulatus (1 OTU with 83% identity in 180bp to: <i>Carcinomyces effibulatus</i>)	0.4%
s	Fuscoportia contigua (1 OTU with 98% identity in 262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	0.4%
s	Trichoderma koningiopsis (1 OTU with 100% identity in 243bp to: <i>Trichoderma koningiopsis</i>)	0.2%
s	Trichoderma longibrachiatum (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Trichoderma longibrachiatum</i>)	0.2%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M17.ITS1b (19 825 reads)

g	Trichoderma (48 OTUs with 99-100% identity in 242-265bp to: 9 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorotheae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma taxanum</i> , <i>Trichoderma viridatum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	45.4%
s	Mortierella sp. 867 (4 OTUs with 97-99% identity in 235bp to: <i>Mortierella</i> sp. 867)	16.2%
s	Umbelopsis ramanniana (8 OTUs with 97-100% identity in 237-242bp to: <i>Umbelopsis ramanniana</i>)	12.2%
p	Ascomycota (12 OTUs with 99-100% identity in 233-247bp to: 16 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Articulospora</i> sp. LP-2019a, <i>Aspergillus</i> sp., <i>Blumeria graminis</i> , <i>Geotrichum candidum</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium christiansenae</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium commune</i> , <i>Penicillium crustosum</i> , <i>Penicillium cycloptium</i> , <i>Penicillium expansum</i> , <i>Penicillium solitum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	10.8%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	5.3%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018d (3 OTUs with 97% identity in 245-246bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018d)	4.7%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (2 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	4.4%
s	Incrucipulum sulphurellum (1 OTU with 76% identity in 200bp to: <i>Incrucipulum sulphurellum</i>)	0.3%
s	Mycena galopus (2 OTUs with 98-99% identity in 281-282bp to: <i>Mycena galopus</i>)	0.3%
s	Trichoderma koningii (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.2%
s	Chalara sp. TMS-2011 (1 OTU with 98% identity in 222bp to: <i>Chalara</i> sp. TMS-2011)	0.1%
s	Trichoderma koningiopsis (1 OTU with 100% identity in 243bp to: <i>Trichoderma koningiopsis</i>)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M18.ITS1b (18 807 reads)

g	Trichoderma (55 OTUs with 98-100% identity in 242-284bp to: 21 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma asperillum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorotheae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma roeselii</i> , <i>Trichoderma samuelisii</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma viridense</i>)	94.7%
s	Fuscoportia contigua (1 OTU with 99% identity in 262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	2.4%
s	Trichoderma koningii (2 OTUs with 100% identity in 266-267bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	1.3%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.8%
s	Aureobasidium sp. Sib5-9-4 (1 OTU with 98% identity in 236bp to: <i>Aureobasidium</i> sp. Sib5-9-4)	0.4%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	0.3%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M19.ITS1b (25 252 reads)

O	Mucorales (48 OTUs with 99-100% identity in 249-255bp to: 5 unclassified Rhizopus strains, <i>Amylomyces rouxii</i> , <i>Rhizopus americanus</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus stolonifer</i>)	55.8%
G	Trichoderma (44 OTUs with 99-100% identity in 245-268bp to: 6 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma speciosum</i>)	30.2%
S	Rhizopus oryzae (15 OTUs with 98-100% identity in 252-274bp to: <i>Rhizopus oryzae</i>)	10.8%
G	Rhizopus (5 OTUs with 99-100% identity in 254-276bp to: 2 unclassified <i>Rhizopus</i> strains, <i>Rhizopus delemar</i> , <i>Rhizopus oryzae</i>)	1.2%
G	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor</i> sp.)	0.5%
S	Trichoderma vinosum (2 OTUs with 99-100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma vinosum</i>)	0.3%
S	Trichoderma sp. JCM 28099 (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma</i> sp. JCM 28099)	0.2%
S	Trichoderma atroviride (1 OTU with 99% identity in 246bp to: <i>Trichoderma atroviride</i>)	0.2%
G	Cystobasidium (1 OTU with 100% identity in 199bp to: <i>Cystobasidium minutum</i> , <i>Cystobasidium slooffiae</i> , <i>Cystobasidium</i> sp. P2)	0.2%
S	Trichoderma sp. M03 (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma</i> sp. M03)	0.1%
S	Aspergillus sp. BF8 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Aspergillus</i> sp. BF8)	0.1%
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 tubingenis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium goergense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.1%
G	Aspergillus (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus neolepticus</i> , <i>Aspergillus</i> sp.)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M2.ITS1b (13 772 reads)

S	Fuscoporia contigua (23 OTUs with 98-99% identity in 260-262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	42.7%
P	Ascomycota (19 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	27.0%
G	Trichoderma (9 OTUs with 99-100% identity in 244-284bp to: 7 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma rasei</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	17.8%
G	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: <i>Rhizopus delemar</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus</i> sp. ACCC 30795)	9.3%
G	Penicillium (3 OTUs with 100% identity in 235bp to: 5 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium mackennaniae</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	1.6%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	0.7%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.7%
S	Trichoderma sp. JCM 28532 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma</i> sp. JCM 28532)	0.2%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M20.ITS1b (20 370 reads)

G	Trichoderma (46 OTUs with 99-100% identity in 242-284bp to: 26 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum BT-2012</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum MO-2014</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma guizhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma lxi</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma rasei</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma virens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	39.1%
S	Umbelopsis isabellina (21 OTUs with 99-100% identity in 236-238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	22.3%
P	Ascomycota (8 OTUs with 99-100% identity in 233-235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	11.1%

g	Penicillium (7 OTUs with 99-100% identity in 234-235bp to: 7 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium adametzoides</i> , <i>Penicillium aragonense</i> , <i>Penicillium corylophilum</i> , <i>Penicillium expansum</i> , <i>Penicillium fusiforme</i> , <i>Penicillium glabrum</i> , <i>Penicillium maclennaniae</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium spuloramigenum</i> , <i>Penicillium spinulosum</i> , <i>Penicillium thomii</i>)	9.7%
s	Fuscoportia contigua (3 OTUs with 99% identity in 262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	6.1%
g	Mucor (2 OTUs with 100% identity in 284-286bp to: 5 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor corticola</i> , <i>Mucor hiemalis</i>)	4.2%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	2.3%
s	Mucor circinelloides (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	2.3%
s	Mucor hiemalis (2 OTUs with 100% identity in 284bp to: <i>Mucor hiemalis</i>)	1.3%
k	Eukaryota (1 OTU with 100% identity in 209bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Citrullus lanatus</i> , <i>Fusarium caucasicum</i> , <i>Fusarium cf. oxysporum</i> , <i>Fusarium oxysporum</i> , <i>Fusarium verticillioides</i> , <i>Humicola sp.</i>)	0.5%
s	Trichoderma sp. JCM 28532 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma sp. JCM 28532</i>)	0.3%
g	Acromonium (1 OTU with 93% identity in 224bp to: 2 unclassified <i>Acromonium</i> strains, <i>Acromonium cavaraeanum</i>)	0.3%
o	Dothideales (1 OTU with 100% identity in 241bp to: <i>Aurobasidium sp. BF-2017a</i> , <i>Zalaria alba</i> , <i>Zalaria obscura</i>)	0.3%
o	Eurotiales (1 OTU with 100% identity in 250bp to: <i>Penicillium sp.</i> , <i>Talaromyces cecidicola</i> , <i>Talaromyces coalescens</i>)	0.2%
s	Sporothrix stenoceras (1 OTU with 100% identity in 244bp to: <i>Sporothrix stenoceras</i>)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M21.ITS1b (22 011 reads)

g	Trichoderma (61 OTUs with 99-100% identity in 242-267bp to: 19 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma erinaceum</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma samuelis</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma viridicoma</i>)	96.5%
k	Eukaryota (1 OTU with 100% identity in 209bp to: <i>Bactrocera tryoni</i> , [<i>Rhodotorula</i>] <i>nothofagi</i>)	2.3%
p	Ascomycota (2 OTUs with 100% identity in 230-235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Meyeromyces guilliermondii</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxocarum</i> , <i>Saccharomyces sp.</i> , <i>Thermomyces sp.</i>)	0.6%
s	Trichoderma koningii (3 OTUs with 99-100% identity in 266-267bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.5%
s	Trichoderma koningiopsis (1 OTU with 100% identity in 267bp to: <i>Trichoderma koningiopsis</i>)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M22.ITS1b (16 257 reads)

s	Fuscoportia contigua (17 OTUs with 98-99% identity in 260-262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	30.9%
g	Trichoderma (12 OTUs with 99-100% identity in 244-284bp to: 9 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma auriviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma raesli</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	20.2%
s	Mucor circinelloides (6 OTUs with 99-100% identity in 268-270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	18.5%
g	Mucor (6 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: 3 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor fragilis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	10.9%
s	Mucor sp. (2 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: <i>Mucor sp.</i>)	3.6%
s	Mucor fragilis (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor fragilis</i>)	3.4%
s	Mollisia sp. (1 OTU with 99% identity in 212bp to: <i>Mollisia sp.</i>)	3.2%
s	Coniochaeta sp. (2 OTUs with 98% identity in 248-249bp to: <i>Coniochaeta sp.</i>)	1.8%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	1.6%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.0%

P	Ascomycota (2 OTUs with 100% identity in 230-235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Meyerozyma guilliermondii</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i> , <i>Saccharomyces</i> sp., <i>Thermomyces</i> sp.)	0.9%
S	Powellomyces sp. PL AUS 017 (1 OTU with 98% identity in 330bp to: <i>Powellomyces</i> sp. PL AUS 017)	0.9%
G	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella elongata</i>)	0.6%
S	Coniochaeta sp. C52 (2 OTUs with 92-93% identity in 237bp to: <i>Coniochaeta</i> sp. C52)	0.5%
G	Penicillium (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 6 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium albidum</i> , <i>Penicillium chlorokucon</i> , <i>Penicillium chrysogenum</i> , <i>Penicillium consobrinum</i> , <i>Penicillium corylophilum</i> , <i>Penicillium fagi</i> , <i>Penicillium rubefaciens</i> , <i>Penicillium velutinum</i>)	0.2%
G	Coniochaeta (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Coniochaeta fasciculata</i> , <i>Coniochaeta</i> sp.)	0.2%
S	Conioscypha pleiomorpha (1 OTU with 98% identity in 192bp to: <i>Conioscypha pleiomorpha</i>)	0.2%
S	Spissiomycetes ramosus (1 OTU with 85% identity in 247bp to: <i>Spissiomycetes ramosus</i>)	0.2%
S	Coniophora puteana (1 OTU with 100% identity in 279bp to: <i>Coniophora puteana</i>)	0.2%
S	Polylobatispora deltoidea (1 OTU with 79% identity in 227bp to: <i>Polylobatispora deltoidea</i>)	0.2%
S	Kockovaella prillingeri (1 OTU with 93% identity in 183bp to: <i>Kockovaella prillingeri</i>)	0.2%
S	Fellomyces sp. CBS 8281 (1 OTU with 93% identity in 182bp to: <i>Fellomyces</i> sp. CBS 8281)	0.1%
S	Fellomyces sp. CBS 8312 (1 OTU with 99% identity in 176bp to: <i>Fellomyces</i> sp. CBS 8312)	0.1%
S	Coniochaeta sp. YP363 (1 OTU with 100% identity in 225bp to: <i>Coniochaeta</i> sp. YP363)	0.1%
K	Eukaryota (1 OTU with 100% identity in 209bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <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.)	0.1%
S	Echria gigantospora (1 OTU with 98% identity in 201bp to: <i>Echria gigantospora</i>)	0.1%
	Other (2 OTUs with 0.2%)	0.2%
	Unclassified (447 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M23.ITS1b (20 382 reads)

G	Trichoderma (41 OTUs with 99-100% identity in 242-284bp to: 9 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma auroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorotheae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma raei</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	36.7%
S	Rhizopus microsporus (23 OTUs with 99-100% identity in 307-309bp to: <i>Rhizopus microsporus</i>)	27.5%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (2 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	9.9%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	6.4%
P	Ascomycota (4 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	5.9%
S	Mucor sp. (2 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: <i>Mucor</i> sp.)	5.7%
S	Mucor racemosus (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor racemosus</i>)	2.5%
G	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 235bp to: 6 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium albidum</i> , <i>Penicillium chlorokucon</i> , <i>Penicillium chrysogenum</i> , <i>Penicillium consobrinum</i> , <i>Penicillium corylophilum</i> , <i>Penicillium fagi</i> , <i>Penicillium mackennaniae</i> , <i>Penicillium rubefaciens</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium velutinum</i>)	1.2%
G	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor lusitanicus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor</i> sp. 211N02)	1.1%
G	Aspergillus (1 OTU with 100% identity in 217bp to: <i>Aspergillus puulaaensis</i> , <i>Aspergillus</i> sp. MU-2009-1, <i>Aspergillus versicolor</i>)	0.9%
S	Coniochaeta sp. YP363 (1 OTU with 100% identity in 225bp to: <i>Coniochaeta</i> sp. YP363)	0.4%
S	Niesslia exilis (1 OTU with 94% identity in 218bp to: <i>Niesslia exilis</i>)	0.4%
S	Trichoderma sp. JCM 28532 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma</i> sp. JCM 28532)	0.3%
P	Basidiomycota (1 OTU with 100% identity in 214bp to: <i>Rhodospordiobolus</i> sp., <i>Rhodotorula mucilaginis</i> , <i>Rhodotorula</i> sp., <i>Rhynchogastrea coronatum</i>)	0.2%
S	Coniochaeta sp. (1 OTU with 98% identity in 249bp to: <i>Coniochaeta</i> sp.)	0.2%
G	Fusarium (1 OTU with 100% identity in 201bp to: 3 unclassified <i>Fusarium</i> strains, <i>Fusarium sambucinum</i> , [<i>Gibberella</i>] <i>ulicis</i>)	0.1%

g	Naganishia (1 OTU with 100% identity in 227bp to: <i>Naganishia friedmannii</i> , <i>Naganishia globosa</i>)	0.1%
s	Hormonema viticola (1 OTU with 100% identity in 236bp to: <i>Hormonema viticola</i>)	0.1%
	Other (3 OTUs with 0.3%)	0.3%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M24.ITS1b (20 551 reads)		
g	Trichoderma (53 OTUs with 99-100% identity in 242-284bp to: 22 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothoeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma raei</i> , <i>Trichoderma samuelsii</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma viridula</i>)	75.6%
g	Mucor (4 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: 3 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	10.2%
s	Umbelopsis isabellina (3 OTUs with 99-100% identity in 237-238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	6.3%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (2 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	6.1%
p	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	1.4%
s	Acremonium cavaraeanum (1 OTU with 92% identity in 225bp to: <i>Acremonium cavaraeanum</i>)	0.2%
s	Trichoderma koningii (1 OTU with 100% identity in 267bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M25.ITS1b (18 832 reads)		
g	Trichoderma (68 OTUs with 99-100% identity in 242-281bp to: 8 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma appalachense</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothoeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	56.1%
s	Fuscoportia contigua (59 OTUs with 99% identity in 257-262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	32.8%
s	Corticium confine (2 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: <i>Corticium confine</i>)	3.2%
p	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	2.3%
s	Coniochaeta sp. YP363 (3 OTUs with 99-100% identity in 225bp to: <i>Coniochaeta sp. YP363</i>)	1.7%
s	Umbelopsis isabellina (3 OTUs with 99-100% identity in 237-238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.1%
g	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 234-235bp to: 5 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium carminoviolaceum</i> , <i>Penicillium macleaniae</i> , <i>Penicillium roseopurpureum</i> , <i>Penicillium sanguifluum</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium vaccaeorum</i>)	0.8%
g	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella elongata</i>)	0.6%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.5%
g	Mucor (1 OTU with 100% identity in 284bp to: 2 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor hiemalis</i>)	0.2%
s	Kockovaella prillingeri (1 OTU with 93% identity in 183bp to: <i>Kockovaella prillingeri</i>)	0.2%
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 tubingenensis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus sp.</i>)	0.1%
s	Fellomyces penicillatus (1 OTU with 100% identity in 179bp to: <i>Fellomyces penicillatus</i>)	0.1%
	Other (2 OTUs with 0.2%)	0.2%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M3.ITS1b (17 091 reads)		

g	Trichoderma (70 OTUs with 99-100% identity in 243-268bp to: 12 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothyae</i> , <i>Trichoderma dorotheopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	81.8%
s	Fuscoporia contigua (5 OTUs with 98-99% identity in 262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	15.4%
s	Trichoderma vinosum (2 OTUs with 99-100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma vinosum</i>)	0.6%
p	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	0.6%
g	Penicillium (3 OTUs with 99-100% identity in 235-238bp to: <i>Penicillium chrysogenum</i> , <i>Penicillium chrysogenum complex sp. LM-2019</i> , <i>Penicillium commune</i> , <i>Penicillium dipodomycicola</i> , <i>Penicillium granulatum</i> , <i>Penicillium lagena</i> , <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium oregonense</i> , <i>Penicillium parviterreosum</i> , <i>Penicillium rubens</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium sp.</i>)	0.5%
g	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor sp.</i>)	0.3%
s	Niesslia exilis (1 OTU with 94% identity in 218bp to: <i>Niesslia exilis</i>)	0.3%
s	Trichoderma atroviride (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma atroviride</i>)	0.2%
	Other (3 OTUs with 0.3%)	0.3%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M4.ITS1b (10 077 reads)		
g	Trichoderma (44 OTUs with 99-100% identity in 244-284bp to: 10 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothyae</i> , <i>Trichoderma dorotheopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma rosei</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	77.0%
s	Fuscoporia contigua (2 OTUs with 99% identity in 262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	8.5%
p	Ascomycota (3 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	8.0%
g	Mucor (2 OTUs with 100% identity in 270-284bp to: 2 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	2.5%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.8%
g	Penicillium (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	0.7%
s	Cryptococcus sp. R133 (1 OTU with 100% identity in 222bp to: <i>Cryptococcus sp. R133</i>)	0.5%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.5%
s	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Mucor hiemalis</i>)	0.3%
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 sp.</i>)	0.3%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M5.ITS1b (18 099 reads)		
p	Ascomycota (66 OTUs with 99-100% identity in 230-257bp to: 4 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	68.7%
s	Fuscoporia contigua (7 OTUs with 98-99% identity in 262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	18.8%
s	Niesslia exilis (4 OTUs with 94% identity in 218bp to: <i>Niesslia exilis</i>)	6.9%
s	Talaromyces rotundus (3 OTUs with 99% identity in 244bp to: <i>Talaromyces rotundus</i>)	1.8%
g	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	0.8%
g	Penicillium (2 OTUs with 99-100% identity in 235-238bp to: <i>Penicillium lagena</i> , <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium oregonense</i> , <i>Penicillium parviterreosum</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	0.7%
s	Thyronectria caudata (1 OTU with 86% identity in 225bp to: <i>Thyronectria caudata</i>)	0.4%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.4%

s	Kockovaella prillingeri (1 OTU with 93% identity in 183bp to: <i>Kockovaella prillingeri</i>)	0.3%
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 tubingenis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.2%
s	Arachnomyces sp. (1 OTU with 95% identity in 265bp to: <i>Arachnomyces</i> sp.)	0.2%
s	Monocillium tenue (1 OTU with 99% identity in 219bp to: <i>Monocillium tenue</i>)	0.2%
s	Acremonium cavaraeanum (1 OTU with 84% identity in 224bp to: <i>Acremonium cavaraeanum</i>)	0.2%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.1%
s	Blastobotrys sp. AB-2017a (1 OTU with 83% identity in 200bp to: <i>Blastobotrys</i> sp. AB-2017a)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (273 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M6.ITS1b (20 919 reads)

g	Mucor (39 OTUs with 99-100% identity in 265-270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor</i> sp. SF20-2)	33.5%
p	Ascomycota (32 OTUs with 99-100% identity in 230-235bp to: 4 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	33.3%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	8.2%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	7.3%
s	Syncephalastrum racemosum (9 OTUs with 78-79% identity in 248-252bp to: <i>Syncephalastrum racemosum</i>)	6.5%
g	Trichoderma (2 OTUs with 99-100% identity in 245bp to: 6 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	3.5%
s	Phaeostalagmus cyclosporus (2 OTUs with 97-100% identity in 206bp to: <i>Phaeostalagmus cyclosporus</i>)	1.8%
g	Coniochaeta (2 OTUs with 99-100% identity in 236bp to: 3 unclassified <i>Coniochaeta</i> strains, <i>Coniochaeta hoffmannii</i> , <i>Coniochaeta lignaria</i>)	1.5%
s	Syncephalastrum sp. (2 OTUs with 84-92% identity in 213-219bp to: <i>Syncephalastrum</i> sp.)	1.0%
g	Paecilomyces (1 OTU with 100% identity in 246bp to: 3 unclassified <i>Paecilomyces</i> strains)	0.8%
g	Gymnopilus (1 OTU with 100% identity in 294bp to: <i>Gymnopilus</i> cf. <i>penetrans</i> , <i>Gymnopilus hybridus</i> , <i>Gymnopilus sapineus</i>)	0.7%
g	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 233-235bp to: 5 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium charlesii</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i>)	0.5%
s	Sphaerobolus stellatus (1 OTU with 100% identity in 289bp to: <i>Sphaerobolus stellatus</i>)	0.3%
s	Oidiodendron cereale (1 OTU with 100% identity in 227bp to: <i>Oidiodendron cereale</i>)	0.2%
f	Helotiaceae (1 OTU with 93% identity in 223bp to: <i>Crociopsis cyathoides</i> , <i>Hymenoscyphus</i> sp. FC-2727)	0.2%
s	Sistotrema coroniferum (1 OTU with 90% identity in 255bp to: <i>Sistotrema coroniferum</i>)	0.2%
s	Corticium confine (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Corticium confine</i>)	0.2%
s	Sphaerobolus iowensis (1 OTU with 100% identity in 286bp to: <i>Sphaerobolus iowensis</i>)	0.2%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (105 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M7.ITS1b (14 903 reads)

g	Mucor (34 OTUs with 99-100% identity in 266-284bp to: 4 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	50.4%
g	Trichoderma (22 OTUs with 99-100% identity in 242-265bp to: 6 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	41.0%
p	Ascomycota (3 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	5.5%
s	Schizopora radula (1 OTU with 100% identity in 278bp to: <i>Schizopora radula</i>)	1.7%

S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.7%
S	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Mucor hiemalis</i>)	0.2%
S	Trichoderma sp. JCM 28532 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma sp. JCM 28532</i>)	0.2%
S	Trichoderma koningii (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.1%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M8.ITS1b (19 679 reads)

G	Trichoderma (35 OTUs with 99-100% identity in 243-284bp to: 22 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorotheae</i> , <i>Trichoderma dorthopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koningopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma raeset</i> , <i>Trichoderma samuelstii</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma viridema</i>)	34.3%
G	Mucor (18 OTUs with 99-100% identity in 270-286bp to: 8 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor corticola</i> , <i>Mucor fragilis</i> , <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	32.0%
S	Mucor circinelloides (15 OTUs with 99-100% identity in 268-270bp to: <i>Mucor circinelloides</i>)	22.9%
P	Ascomycota (3 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	4.3%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	2.6%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.9%
S	Schizopora radula (1 OTU with 100% identity in 278bp to: <i>Schizopora radula</i>)	0.7%
S	Fuscoportia contigua (1 OTU with 99% identity in 262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	0.6%
S	Trechispora sp. (2 OTUs with 93% identity in 236bp to: <i>Trechispora sp.</i>)	0.3%
S	Phaeostalagmus cyclosporus (1 OTU with 100% identity in 206bp to: <i>Phaeostalagmus cyclosporus</i>)	0.3%
S	Acremonium sp. TR080 (1 OTU with 92% identity in 228bp to: <i>Acremonium sp. TR080</i>)	0.2%
S	Trichoderma sp. JCM 28532 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma sp. JCM 28532</i>)	0.2%
S	Trichosphaerella ceratophora (1 OTU with 100% identity in 220bp to: <i>Trichosphaerella ceratophora</i>)	0.2%
S	Trichoderma koningopsis (1 OTU with 100% identity in 242bp to: <i>Trichoderma koningopsis</i>)	0.1%
S	Coniochaeta sp. (1 OTU with 98% identity in 249bp to: <i>Coniochaeta sp.</i>)	0.1%
S	Trichoderma koningii (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M9.ITS1b (18 044 reads)

P	Ascomycota (14 OTUs with 98-100% identity in 235-247bp to: 15 unclassified <i>Penicillium</i> strains, 4 unclassified <i>Aureobasidium</i> strains, <i>Articulospora sp. LP-2019a</i> , <i>Aspergillus sp.</i> , <i>Aureobasidium melanogenum</i> , <i>Aureobasidium pullulans</i> , <i>Blumeria graminis</i> , <i>Geotrichum candidum</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium chrysosentiae</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium commune</i> , <i>Penicillium crustosum</i> , <i>Penicillium cycloptum</i> , <i>Penicillium expansum</i> , <i>Penicillium solitum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i> , <i>Yarrowia lipolytica</i> , aff. <i>Aureobasidium sp.</i>)	18.7%
G	Mucor (22 OTUs with 99-100% identity in 265-270bp to: 3 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinelloides</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	17.6%
S	Cryptococcus sp. YKS 2004 (15 OTUs with 99-100% identity in 166-168bp to: <i>Cryptococcus sp. YKS 2004</i>)	12.6%
S	Mucor racemosus (5 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: <i>Mucor racemosus</i>)	11.3%
G	Mortierella (3 OTUs with 98-100% identity in 208-214bp to: 6 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella cf. hyalina</i> , <i>Mortierella elongata</i> , <i>Mortierella hyalina</i>)	4.7%

G	Penicillium (4 OTUs with 98-100% identity in 234-238bp to: 13 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium carminoviolaceum</i> , <i>Penicillium chrysogenum</i> , <i>Penicillium chrysogenum</i> complex sp. LM-2019, <i>Penicillium commune</i> , <i>Penicillium dipodomycicola</i> , <i>Penicillium expansum</i> , <i>Penicillium granulatum</i> , <i>Penicillium lagena</i> , <i>Penicillium oregonense</i> , <i>Penicillium paneum</i> , <i>Penicillium parviverrucosum</i> , <i>Penicillium reticulosum</i> , <i>Penicillium roseopurpureum</i> , <i>Penicillium rubens</i> , <i>Penicillium sanguifluum</i> , <i>Penicillium vaccaeorum</i>)	4.7%
S	Tremella sp. (1 OTU with 89% identity in 178bp to: <i>Tremella</i> sp.)	4.3%
S	Parasarocladium Acremonium gamsii (3 OTUs with 99-100% identity in 222bp to: <i>Acremonium gamsii</i>)	3.2%
S	Cephalotheca sulfurea (3 OTUs with 89-91% identity in 222-224bp to: <i>Cephalotheca sulfurea</i>)	2.3%
S	Aspergillus sp. BF8 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Aspergillus</i> sp. BF8)	1.9%
f	Didymellaceae (1 OTU with 100% identity in 200bp to: 8 unclassified <i>Phoma</i> strains, <i>Ascochyta fabae</i> , <i>Didymella glomerata</i> , <i>Didymella macrostoma</i> , <i>Peyronellaea</i> sp., <i>Phoma conidiogena</i>)	1.6%
S	Arachnomyces sp. A1 (3 OTUs with 88-99% identity in 261-267bp to: <i>Arachnomyces</i> sp. A1)	1.3%
G	Trichoderma (3 OTUs with 100% identity in 245-284bp to: 10 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingyiae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningi</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma raeiel</i> , <i>Trichoderma spaciosum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	1.3%
S	Penicillium oxalicum (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Penicillium oxalicum</i>)	1.1%
S	Talaromyces rotundus (3 OTUs with 99-100% identity in 244bp to: <i>Talaromyces rotundus</i>)	1.0%
S	Oidiodendron setiferum (2 OTUs with 99% identity in 229bp to: <i>Oidiodendron setiferum</i>)	0.9%
S	Umbelopsis ramanniana (2 OTUs with 97-98% identity in 237bp to: <i>Umbelopsis ramanniana</i>)	0.8%
C	Tremellomycetes (1 OTU with 100% identity in 199bp to: 4 unclassified <i>Cryptococcus</i> strains, <i>Filobasidium magnum</i>)	0.8%
G	Spinacia (2 OTUs with 99-100% identity in 273bp to: <i>Spinacia oleracea</i> , <i>Spinacia tetrandra</i> , <i>Spinacia turkestanica</i>)	0.8%
S	Cystofilobasidium infirmominiatum (1 OTU with 100% identity in 199bp to: <i>Cystofilobasidium infirmominiatum</i>)	0.6%
G	Aspergillus (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus</i> sp.)	0.6%
O	Tremellales (2 OTUs with 99-100% identity in 196-197bp to: 5 unclassified <i>Cryptococcus</i> strains, <i>Papiliotrema laurentii</i> , <i>Vishniacozyma carnescens</i> , <i>Vishniacozyma</i> sp., <i>Vishniacozyma taphrensis</i>)	0.6%
G	Neosascochyta (1 OTU with 100% identity in 201bp to: <i>Neosascochyta paspali</i> , <i>Neosascochyta</i> sp.)	0.6%
S	Acrodictys sp. (1 OTU with 80% identity in 220bp to: <i>Acrodictys</i> sp.)	0.5%
G	Aureobasidium (1 OTU with 100% identity in 241bp to: 2 unclassified <i>Aureobasidium</i> strains, <i>Aureobasidium leucospermi</i> , <i>Aureobasidium namibiae</i> , <i>Aureobasidium pullulans</i> , <i>Aureobasidium subglaciale</i>)	0.4%
S	Aspergillus vitricola (1 OTU with 100% identity in 264bp to: <i>Aspergillus vitricola</i>)	0.4%
S	Blastobotrys parvus (1 OTU with 79% identity in 191bp to: <i>Blastobotrys parvus</i>)	0.4%
S	Spinacia oleracea (1 OTU with 100% identity in 273bp to: <i>Spinacia oleracea</i>)	0.4%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.3%
S	Bactrocera tryoni (1 OTU with 97% identity in 199bp to: <i>Bactrocera tryoni</i>)	0.3%
S	Dioszegia buhagiarii (1 OTU with 99% identity in 162bp to: <i>Dioszegia buhagiarii</i>)	0.3%
S	Papiliotrema pseudoalba (1 OTU with 100% identity in 175bp to: <i>Papiliotrema pseudoalba</i>)	0.3%
S	Pichia sp. (1 OTU with 100% identity in 175bp to: <i>Pichia</i> sp.)	0.3%
S	Spinacia turkestanica (1 OTU with 100% identity in 273bp to: <i>Spinacia turkestanica</i>)	0.3%
S	Septoriella pseudophragmitis (1 OTU with 100% identity in 250bp to: <i>Septoriella pseudophragmitis</i>)	0.2%
S	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Mucor hiemalis</i>)	0.2%
S	Phaeostalagmus cyclosporus (1 OTU with 100% identity in 206bp to: <i>Phaeostalagmus cyclosporus</i>)	0.2%
S	Haplosporangium bisporale (1 OTU with 79% identity in 251bp to: <i>Haplosporangium bisporale</i>)	0.2%
S	Blastobotrys sp. AB-2017a (1 OTU with 83% identity in 200bp to: <i>Blastobotrys</i> sp. AB-2017a)	0.2%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	0.2%
S	Phialemonium inflatum (1 OTU with 99% identity in 223bp to: <i>Phialemonium inflatum</i>)	0.2%

S	Tausonia pullulans (1 OTU with 100% identity in 215bp to: Tausonia pullulans)	0.2%
S	Vishniacozyma sp. (1 OTU with 99% identity in 198bp to: Vishniacozyma sp.)	0.1%
g	Oidiodendron (1 OTU with 99% identity in 229bp to: Oidiodendron griseum, Oidiodendron tenuissimum)	0.1%
g	Cladosporium (1 OTU with 100% identity in 215bp to: 6 unclassified Cladosporium strains, Cladosporium cf. ramotenellum, Cladosporium cladosporioides, Cladosporium cucumerinum, Cladosporium phaenocomae, Cladosporium puyae, Cladosporium ramotenellum)	0.1%
S	Naganishia antarctica (1 OTU with 99% identity in 219bp to: Naganishia antarctica)	0.1%
S	Vishniacozyma globispora (1 OTU with 99% identity in 161bp to: Vishniacozyma globispora)	0.1%
S	Wallemia sebi (1 OTU with 100% identity in 174bp to: Wallemia sebi)	0.1%
S	Brassica oleracea (1 OTU with 100% identity in 323bp to: Brassica oleracea)	0.1%
S	Coniochaeta sp. (1 OTU with 100% identity in 228bp to: Coniochaeta sp.)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

Table 4: Condensed overview of the taxonomic composition of samples.

This table can be found as a file in the results directory. Please see the according section for details about result files.

Anhang 13. Gattungen pro Probentyp, Metabarcoding

Tabelle 35: Gruppe A, Gattungen nur auf ungeschädigtem Reet (1) vorhanden

Gattung
<i>Acrodictys</i>
<i>Bullera</i>
<i>Cephalotheca</i>
<i>Chalara</i>
<i>Cladosporium</i>
<i>Cystobasidium</i>
<i>Cystofilobasidium</i>
<i>Dioszegia</i>
<i>Gymnopilus</i>
<i>Haplosporangium</i>
<i>Hormonema</i>
<i>Incrucipulum</i>
<i>Mycena</i>
<i>Neoascochyta</i>
<i>Oidiodendron</i>
<i>Paecilomyces</i>
<i>Papiliotrema</i>
<i>Parasarocladium</i>
<i>Peniophorella</i>
<i>Phialemonium</i>
<i>Pichia</i>
<i>Septoriella</i>
<i>Sistotrema</i>
<i>Sphaerobolus</i>
<i>Syncephalastrum</i>
<i>Tausonia</i>
<i>Vishniacozyma</i>
<i>Wallemia</i>

Tabelle 36: Gruppe B, Gattung nur am Rand des Schimmelflecks (2) vorhanden

Gattung
<i>Thyronectria</i>

Tabelle 37: Gruppe C, Gattung nur auf Neureet und auf ungeschädigtem Reet (1) vorhanden

Gattung
<i>Aspergillus</i>

Tabelle 38: Gruppe D, Gattungen auf ungeschädigtem Reet (1) und am Rand des Schimmelflecks (2) vorhanden

Gattung
<i>Arachnomyces</i>
<i>Blastobotrys</i>
<i>Niesslia</i>
<i>Phaeostalagmus</i>
<i>Talaromyces</i>

Tabelle 39: Gruppe E, Gattungen am Rand des Schimmelflecks (2) und im Kern des Schimmelflecks (3) vorhanden

Gattung
<i>Acremonium</i>
<i>Fellomyces</i>
<i>Monocillium</i>
<i>Schizopora</i>
<i>Trechispora</i>
<i>Trichosphaerella</i>

Tabelle 40: Gruppe F, Gattungen auf ungeschädigtem Reet (1), am Rand des Schimmelflecks (2) und im Kern des Schimmelflecks (3) vorhanden

Gattung
<i>Coniochaeta</i>
<i>Kockovaella</i>
<i>Mortierella</i>
<i>Mucor</i>
<i>Penicillium</i>
<i>Trichoderma</i>

<i>Umbelopsis</i>

Tabelle 41: Gruppe G, Gattungen nur im Kern des Schimmelflecks (3) vorhanden

Gattung
<i>Apodospora</i>
<i>Bourdotigloea</i>
<i>Carcinomyces</i>
<i>Catenulostroma</i>
<i>Conioscypha</i>
<i>Echria</i>
<i>Neostagonospora</i>
<i>Polylobatispora</i>
<i>Powellomyces</i>
<i>Pseudoascochyta</i>
<i>Rhodotorula</i>
<i>Sistotremastrum</i>
<i>Spissiomyces</i>
<i>Sporothrix</i>
<i>Trapeliopsis</i>
<i>Trichosporon</i>

Tabelle 42: Gruppe H, Gattungen auf ungeschädigtem Reet (1) und im Kern des Schimmelflecks (3) vorhanden

Gattung
<i>Aureobasidium</i>
<i>Coniophora</i>
<i>Corticium</i>
<i>Cryptococcus</i>
<i>Fusarium</i>
<i>Mollisia</i>
<i>Naganishia</i>

<i>Rhizopus</i>
<i>Sordaria</i>
<i>Tremella</i>

Tabelle 43: Gruppe I, Gattungen auf Neureet, am Rand des Schimmelflecks (2) und im Kern des Schimmelflecks (3) vorhanden

Gattung
<i>Fuscoporia</i>

Anhang 14. Enzymplatten für den Ligninabbau

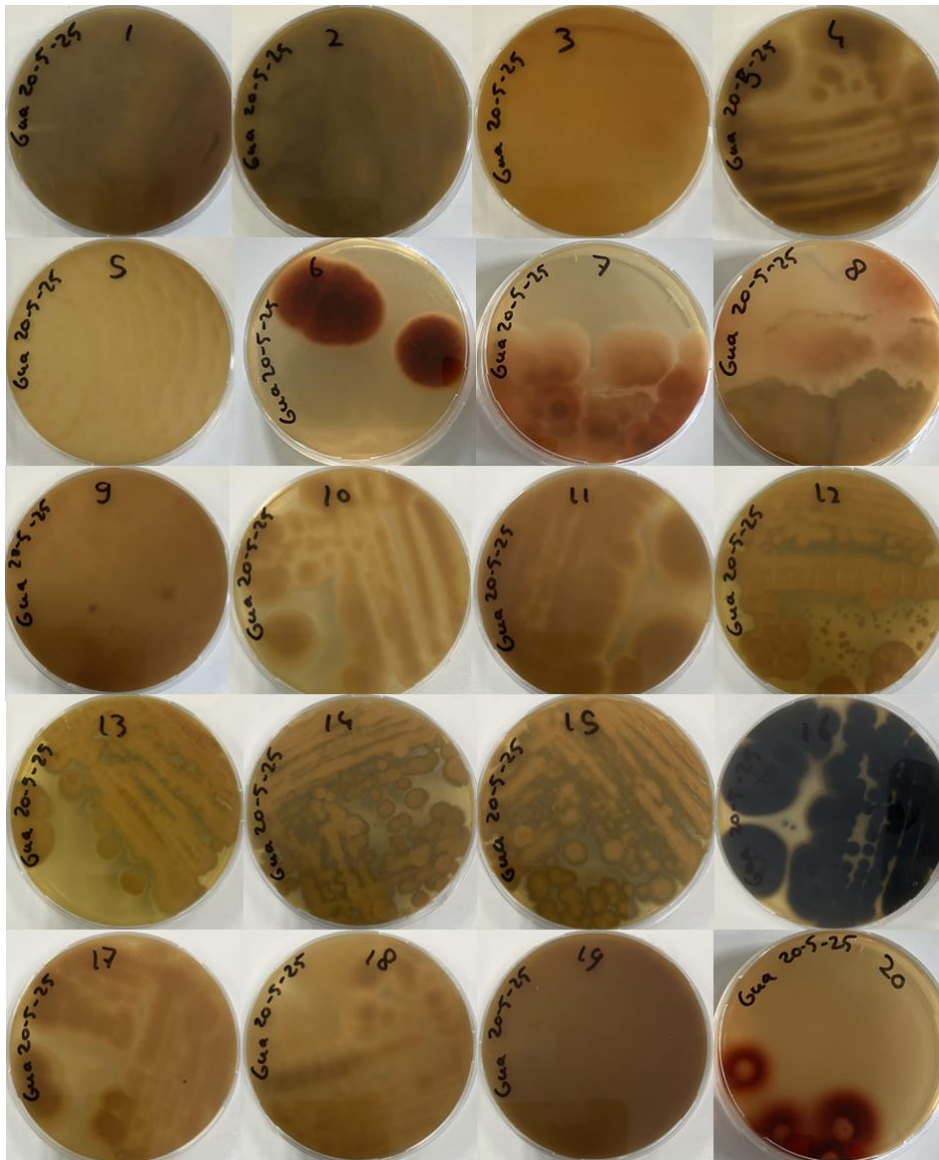


Abbildung 30: Übersicht der Enzymplatten, auf die die zur Identifizierung eingesandten Schimmelpilze ausgestrichen wurden. Auf diesen Enzymplatten wurde anhand einer rotbraunen Verfärbung nachgewiesen, ob der Schimmelpilz Lignin abbauen kann. Die Identifikationsnummern sind auf den Platten sichtbar und folgen der Reihenfolge von links oben nach rechts unten.