

Commissione internazionale
per la protezione delle acque italo-svizzere



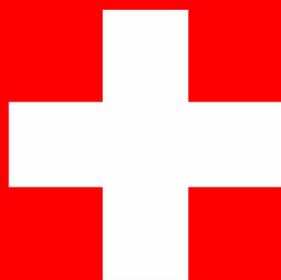
PROGRAMMA 2019-2021

RAPPORTO ANNUALE 2021

**EFFETTI DELL'ECOMORFOLOGIA SULLA DECOMPOSIZIONE
DELLA MATERIA ORGANICA NEGLI ECOSISTEMI DELLE
RIVE DEL LAGO CERESIO**

a cura di
Istituto microbiologia
Scuola Universitaria Professionale della Svizzera Italiana

Mendrisio, 2022



I dati riportati nel presente volume possono essere utilizzati purché se ne citi la fonte come segue:

Istituto microbiologia (IM-SUPSI) 2022: *Effetti dell'ecomorfologia sulla decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio. Programma triennale 2019-2021*. Commissione Internazionale per la Protezione delle Acque Italo-Svizzere (Ed.); 61 pp.

Parole chiavi

Fungi acquatici, ifomiceti acquatici, bioindicatore funzionale, biodiversità

Autori

Sabrina Lötscher	Assistente bachelor (IM-SUPSI)
Giorgia Frei	Assistente master (IM-SUPSI)
Dr. Andreas Bruder	Ricercatore senior (IM-SUPSI)

Commissionato da

Commissione Internazionale per la protezione delle acque italo-svizzere (CIPAIS)

Via Principe Amedeo, 17

IT-10123 Torino (Italia)

Tel: + 39 011 432 16 12

Tel: +41 91 814 29 71

www.cipais.org

A cura di

Scuola Universitaria Professionale della Svizzera Italiana

Dipartimento Ambiente Costruzione e Design

Istituto Microbiologia

Campus Mendrisio

Via Flora Ruchat-Roncati 23

CH – 6850 Mendrisio

www.supsi.ch/im

Sintesi

Le rive lacustri sono zone essenziali per il buon funzionamento di un ecosistema lacustre. Più specificamente sono i luoghi in cui i microorganismi (come funghi e batteri) e i macroinvertebrati svolgono la decomposizione della materia organica, processo alla base della rete trofica di questi ecosistemi. Il seguente studio mira a quantificare e analizzare il tasso di decomposizione della materia organica tramite l'utilizzo delle bande di cotone come indicatore standard. Le bande di cotone sono state poste in acqua e sulla terraferma in nove rive del Lago Ceresio. Le bande sono state raccolte dopo 40-70 giorni quelle in acqua, rispettivamente, dopo circa 130 giorni quelle sulla terraferma. Le bande di cotone sono state utilizzate per quantificare la perdita di resistenza alla trazione come misura standardizzata del tasso di decomposizione. Inoltre, si sono identificate le comunità fungine che hanno colonizzato il materiale mediante metabarcoding e infine si è quantificata la biomassa. Una volta in laboratorio è stata misurata la perdita della forza di trazione delle bande di cotone, ed è stata identificata la comunità fungina tramite il metabarcoding. Sono stati identificati un totale di 483 specie di funghi, 378 specie sulle bande di cotone terrestri e 211 specie sulle bande di cotone acquatiche. Questo è probabilmente dovuto al fatto che gli habitat acquatici hanno generalmente una diversità di specie inferiore o che le conoscenze riguardo i funghi acquatici sono ancora limitate. Tuttavia, si può anche supporre che le bande di cotone acquatiche fossero più esposte a fattori che danneggiano il DNA o che ne promuovono la degradazione rispetto a quelle sulla terraferma.

Le comunità di funghi sulle bande di cotone terrestri hanno mostrato grandi somiglianze tra loro, mentre le comunità di funghi sulle bande di cotone acquatiche erano spesso molto diverse. La presenza di materia organica in un sito e, in generale, l'eterogeneità dell'habitat sembrano favorire la diversità dei funghi, ma queste caratteristiche devono essere ulteriormente studiate. La cosa più sorprendente è che la biomassa fungina era estremamente bassa nelle bande di cotone e non si sa quanto i funghi abbiano effettivamente contribuito al processo. Ciò è in contrasto con il loro ruolo ben documentato nella decomposizione della lettiera fogliare in siti acquatici e terrestri. Questo studio fornisce quindi indicazioni sul fatto che il test sulle bande di cotone potrebbe non essere utile come bioindicatore dell'attività fungina nel processo di decomposizione della materia organica. Il suo utilizzo per il ruolo dei batteri nel processo e l'influenza dei parametri ambientali su di essi dovrebbe essere ulteriormente studiato.

Abstract

Lakeshores are essential for the proper functioning of a lake ecosystem. More specifically, they are the areas where microorganisms (such as fungi and bacteria) and macroinvertebrates carry out the decomposition of organic matter, a process that is the base of the food web of these ecosystems. This study aims to test the decomposition of organic matter using cotton strips as a bioindicator for the functioning of ecosystems. Cotton strips were deployed in the water and on land at ten shores sites on Lake Ceresio. The cotton strips were collected in the water after approximately 40 and 70 days, respectively, and on land after approximately 130 days. From these cotton strips, the tensile strength loss was measured as a standardized measure of decomposition rates, and the fungal community, which colonized the material was determined by means of metabarcoding and its biomass quantified. A total of 483 species were found, 378 species on the terrestrial cotton strips and 211 species on the aquatic cotton strips. The fungal communities on the terrestrial cotton strips showed great similarities, whereas the fungi communities on the aquatic cotton strips were mostly very different. The presence of organic matter at a site and in general, habitat heterogeneity seems to promote fungi diversity, but these influences would need to be further investigated. Most surprisingly, fungal biomass was exceedingly low in the cotton strips, and it is uncertain how much fungi actually contributed to the process. This is at odds with their well-documented role for leaf litter decomposition in aquatic and terrestrial sites. This study thus provides indication that the cotton strip assay might not be useful as a bioindicator of fungal activity in the process of organic matter decomposition. Its use for the role of bacteria in the process and the influence of environmental parameters on these should be further studied.

Indice

1	Introduzione	1
2	Metodi e materiali	4
2.1	Siti di campionamento	4
2.2	Preparazione delle bande di cotone	5
2.3	Istallazione e campionamento	5
2.4	Parametri ambientali	6
2.5	Analisi dei campioni.....	7
2.6	Resistenza alla trazione	7
2.7	Metabarcoding	8
2.8	Biomassa fungina.....	9
2.9	Analisi dati.....	10
3	Risultati	11
3.1	Resistenza alla trazione	11
3.2	Parametri ambientali	12
3.3	Diversità fungina	14
3.4	Biomassa fungina.....	17
3.5	Correlazioni con i parametri ambientali	17
4	Discussione.....	19
4.1	Decomposizione della materia organica	19
4.2	Comunità fungine in zone terrestre e acquatiche.....	19
4.3	Biomassa fungina.....	22
4.4	Bande di cotone come materiale standard per uso come bioindicatore	22
5	Bibliografia	24
6	Ringraziamenti	26
7	Appendici	27
7.1	Panoramica dei periodi di incubazione	27
7.2	Resistenza alla trazione	28
7.3	Numero di specie e indici di diversità per sito.....	28

7.4	Stima del numero di specie identificate per sforzi di campionamento maggiori.....	29
7.5	Numero di sequenze per località	30
7.6	Similitudine delle comunità fungine basato sul metabarcoding.....	31
7.7	Lista completa delle specie rilevate	32

1 Introduzione

I funghi acquatici sono un gruppo d'organismi molto vasto e diversificato, essi sono coinvolti in vari processi degli ecosistemi d'acqua dolce. Gli ifomiceti (funghi costituiti da micelio filamentoso) appartenenti ai funghi ascomiceti (Ascomycota) e ai basidiomiceti (Basidiomycota) svolgono un ruolo chiave nella decomposizione della lettiera di foglie nei piccoli corsi d'acqua (quindi sono organismi saprofitici). Anche se sono più abbondanti sulle foglie in decomposizione, colonizzano anche altri substrati come il legno. Durante il processo di decomposizione questi polimeri naturali vengono scomposti grazie alla produzione di enzimi specifici, rendendo biodisponibili risorse importanti per altri organismi (Grossart & Rojas-Jimenez, 2016a; Jobard et al., 2010). Nonostante il loro ruolo fondamentale negli ecosistemi dell'acqua dolce è noto, specialmente nei corsi d'acqua, una gran parte delle specie è attualmente ancora sconosciuta (Wurzbacher et al., 2016). Allo stesso modo, persistono ancora numerose lacune riguardo la composizione delle specie e l'occupazione delle nicchie ecologiche in ambienti meno studiati come le rive dei laghi (Chauvet et al. 2016), e la risposta di entrambi ai gradienti dei parametri ambientali (Duarte et al., 2016). Quanto siano rilevanti per i processi di decomposizione nelle acque stagnanti non è chiaro, ma probabilmente sono meno importanti che nei corsi d'acqua a causa delle condizioni di habitat meno idonee (minore apporto fogliare, dominanza di microrganismi autotrofi; Bärlocher 1992).

L'identificazione delle specie fungine è tradizionalmente effettuata attraverso la determinazione morfologica delle mitospore (Bärlocher, 2016). Tuttavia, per ottenere queste strutture si deve innescare la sporulazione, di solito simulando condizioni turbolenti nel corpo idrico. Questo metodo permette quindi di determinare solo i funghi che sono in grado di riprodursi in queste condizioni, trascurando tutti gli altri funghi (Bärlocher, 2016). Inoltre, l'identificazione delle specie con spore poco differenziate è spesso difficile o addirittura impossibile e le specie criptiche sono spesso trascurate (Duarte et al., 2016). Grazie all'insorgere di metodi biologici molecolari, negli ultimi 30 anni sono state acquisite nuove conoscenze anche nel campo dei funghi. Per esempio, l'uso di primer specifici, spesso della regione ITS (internal transcribed spacer che comprende le regioni ITS1, 5.8S, ITS2, lunghezza di 500-600 bp), permette di rilevare una maggiore diversità rispetto al metodo tradizionale (Bärlocher, 2016; Peršoh, 2015; Franco-Duarte et al., 2022). Tuttavia, i metodi molecolari hanno fatto sorgere nuove sfide (Fernandes et al., 2015). Come per tutti gli studi di metabarcoding, i risultati possono essere significativamente influenzati dalle singole tappe dell'analisi. A partire dal campionamento, dalla scelta del kit di estrazione del DNA, dei primer utilizzati, fino all'analisi bioinformatica e alla valutazione statistica dei dati (Alberdi et al., 2018).

La diversità e la funzionalità degli ifomiceti acquatici è spesso trascurata in ecologia, motivo per cui la conoscenza di questo gruppo è limitata. È quindi ancora più difficile determinare come e in che misura i funghi acquatici sono influenzati da fattori antropogenici. Si presume che l'uso intensivo del suolo, l'eutrofizzazione, l'inquinamento e il cambiamento climatico siano i principali fattori di influenza (Bärlocher, 2016; Krauss et al., 2011). Ciò è probabilmente dovuto al fatto che attualmente non esistono metodi standardizzati per determinare e quantificare l'influenza di singoli o vari fattori di stress sui funghi (Ittner et al., 2018).

La maggior parte delle nostre conoscenze sui funghi acquatici proviene principalmente dai piccoli corsi d'acqua in relazione alla decomposizione della lettiera di foglie, mentre la composizione delle specie delle acque stagnanti è stata studiata solo in pochi studi (Grossart & Rojas-Jimenez, 2016b; Komínková et al., 2000). Tuttavia, è probabile che solo le specie altamente adattate si trovano nella zona pelagica e nei sedimenti lacustri, e che gli hotspot per i funghi filamentosi saprofitici si osservano nelle aree ripariali ricche di materia organica proveniente dalla vegetazione terrestre. In queste zone di transizione tra habitat terrestri e acquatici, ci sono spesso inondazioni ricorrenti o piccole zone paludose temporanee. È proprio questa dinamica che potrebbe creare condizioni di vita ottimali per varie specie di funghi, a causa della diversità di nicchie ecologiche (Wurzbacher et al., 2010, 2016).

Per quantificare la decomposizione della materia organica da parte dei funghi acquatici e di altri organismi come i macroinvertebrati, le foglie di alcune specie di alberi sono state esposte in sacchetti di tessuto di una dimensione di maglia definita in corsi d'acqua, al fine di misurare la loro perdita di massa. Questo ha portato ad una migliore conoscenza dei processi di decomposizione e del ruolo degli organismi saprofiti in diversi ecosistemi (Marks, 2019). Un limite di questo approccio è la scarsa standardizzazione del materiale organico (si pensa ai diversi tipi e specie di foglie usate), che rende difficile il confronto tra studi (Frainer et al., 2021). Per aumentare la comparabilità tra studi, è stato proposto il cosiddetto "cotton-strip assay" (Tiegs et al., 2013). Ciò consiste nell'uso di un materiale standard, quale le bande di cotone che vengono esposte nel sito di campionamento per un certo periodo di tempo, dopodiché viene misurata la resistenza alla trazione e/o il peso residuo. Questi valori possono poi essere usati per determinare quanto velocemente i processi di decomposizione avvengono in un determinato sito e per confrontare questi dati con altri dati biotici (p. es. Diversità e biomassa fungina) e abiotici dell'ecosistema.

Questo studio ha come scopo la descrizione delle comunità fungine della vegetazione ripariale in zone acquatiche e terrestri in diverse rive del Lago Ceresio utilizzando la tecnica delle bande di cotone. Uno degli obiettivi è anche quello di valutare questo metodo e capire se è idoneo per il monitoraggio e le indagini sulla biodiversità nei laghi più grandi. Sono state poste le seguenti domande di ricerca:

- (a) Come differisce la comunità fungina, la biomassa e l'attività nel processo di decomposizione tra i diversi siti e tra le rispettive zone acquatiche e terrestri?
- (b) La composizione delle specie fungine e loro biomassa è legata a dei parametri ambientali misurati (composizione del materiale organico del sito, substrato, vegetazione)?
- (c) La decomposizione delle bande di cotone è adatta come indicatore della comunità fungina e dei processi di decomposizione nella zona delle rive lacustri?

2 Metodi e materiali

2.1 Siti di campionamento

Il Lago Ceresio si trova sul lato meridionale delle Alpi a 271 m s.l.m.. Il litorale è diviso tra Svizzera (2/3) e Italia (1/3). Il ponte-diga di Melide divide il lago in un bacino nord e sud. Questa divisione limita lo scambio di acqua tra i due bacini, che porta a chiare differenze nei parametri ambientali sia chimici che biologici (Paltrinieri & Jann, 2012, IST-SUPSI 2021). Una differenza importante tra i bacini è il maggiore carico di nutrienti (e probabilmente di altre sostanze chimiche) nel bacino sud, che si traduce in una maggiore produzione primaria (IST-SUPSI 2021). Un terzo bacino, il più piccolo è quello di Ponte Tresa. La zona litorale del lago Ceresio è relativamente edificata, ma ci sono ancora delle zone con della vegetazione naturale (canneto, bosco) e pendii naturali (sponde ripide).

Un totale di dieci siti sono stati scelti per lo studio (Figura 1). I siti sono stati scelti per rappresentare un gradiente naturale nel tipo di substrato (ma limitato dalla metodologia di campionamento, veda sotto), nel tipo e nell'intensità della vegetazione terrestre, nell'esposizione, ecc. Di questi, tre siti sono situati nel bacino nord e sette nel bacino sud. Non sono disponibili dati per il sito 10 (Ponte Tresa) poiché il materiale di campionamento è stato distrutto da atti di vandalismo.

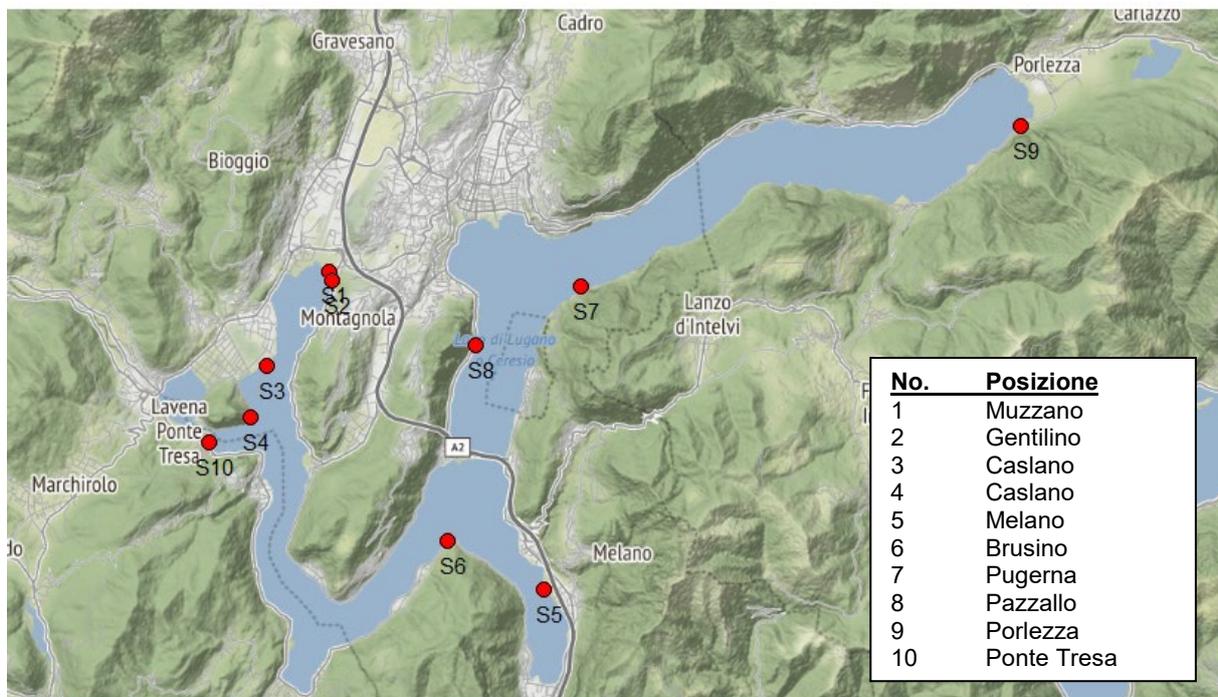


Figura 1: Siti di campionamento sulle rive del Lago Ceresio.

Tabella 1: Ubicazione (coordinate in CH1903+) e orientamento dei siti di studio (in gradi verso nord).

Sito	Longitudine	Latitudine	Esposizione
1	714058	094434	249°
2	714154	094298	223°
3	712666	092246	193°
4	712053	090874	175°
5	71921	087083	219°
6	717049	088260	324°
7	722123	095293	5°
8	717318	092405	119°
9	730315	098312	278°

2.2 Preparazione delle bande di cotone

Le bande di cotone sono state preparate secondo il protocollo descritto da Tiegs et al. (2013) usando il materiale standard prodotto all'Empa (No: 222, HS-Code: 3822.0000). Il rotolo di tessuto è stato prima srotolato su una superficie piana e poi sono state tagliate delle bande di 2.5×8 cm (Figura 2). In seguito, sono stati rimossi circa 3 mm di fili dal bordo per minimizzare le perdite durante l'esperimento. Come ultimo, è stato fatto un piccolo foro con un punteruolo, a circa 7 mm dal bordo per infilarci una fascetta che serve per affrancare la bande. Questa procedura è stata effettuata anche per delle bande non esposte ma utilizzate per misurare le condizioni iniziali.

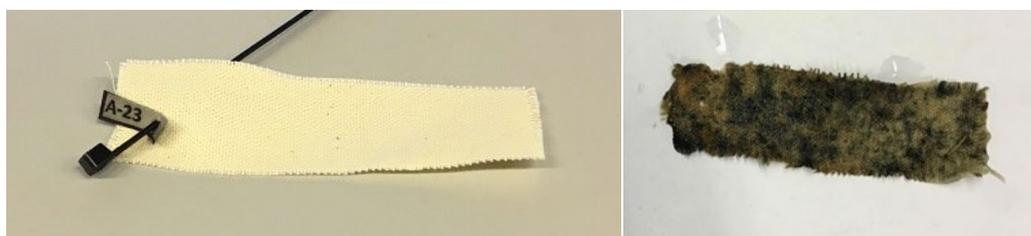


Figura 2: Bande di cotone usate per l'esperimento in condizione prima dell'esposizione (a sinistra) e dopo l'esposizione (a destra).

2.3 Installazione e campionamento

Sul campo, le bande di cotone sono state attaccate a una corda con una fascetta (Figura 3) e poi la corda è stata fissata alle due estremità con delle aste metalliche nel sedimento. In totale sono state messe due corde perpendicolari alla linea di riva in ogni sito. Le corde sono state posizionate in modo che metà di essa fosse sommersa e l'altra metà sulla riva asciutta. L'estremità della corda in acqua è stata appesantita con un peso per ridurre i forti movimenti in acqua e quindi l'usura meccanica.



Figura 3: Le bande di cotone attaccate a una corda con delle fascette per l'installazione sulle rive in zona sommersa, di transizione, ed asciutta (dal basso all'alto nella foto).

In un primo campionamento (novembre 2020), sono state campionate sei bande sulla terraferma, sei bande nella zona di transizione tra terra e acqua e sei bande nell'acqua. In un secondo campionamento (gennaio 2021), 24 nuove bande (12 per corda) sono state installate nella parte sommersa di ogni sito. Il motivo è che abbiamo osservato tassi di decomposizione delle bande molto elevati nel comparto acquatico (ma non in quello terrestre), con una sostanziale variazione tra le bande acquatiche. Le bande acquatiche sono state raccolte dopo 41-45 giorni e rispettivamente 67-72 giorni. Invece quelle sulla terraferma sono state raccolte dopo circa 130 giorni. Una panoramica dei tempi di incubazione è riassunta nella Tabella A1.

Qualora sono state messe 6 bande di cotone, 1 è stata utilizzata per il metabarcoding e per la quantificazione della biomassa fungina, 4 per la resistenza alla trazione e 1 è stata tenuta come riserva. Nel caso di 12 bande di cotone invece, 1 è stata usata per il metabarcoding, 1 per la quantificazione della biomassa fungina, 8 per la resistenza alla trazione e 2 come riserva. Una volta raccolte, ogni striscia di cotone è stata staccata dal filo e messa individualmente in un sacchetto di plastica.

2.4 Parametri ambientali

Sono stati utilizzati dei Datalogger per misurare la temperatura dell'aria e dell'acqua (HOBO 64K; UA-002-64), l'intensità della luce (HOBO 64K; UA-002-64) e l'umidità (HOBO U23 v2; U23-001) in tutti i siti. I dati di luminosità ottenuti dai Datalogger in acqua non sono stati presi in considerazione perché quest'ultimi erano ricoperti da uno strato di sedimenti. Per stimare la copertura vegetale, sono state scattate due foto per sito con un obiettivo fisheye, una nella zona terrestre e una nella zona acquatica. Successivamente, una stima del grado della copertura vegetale è stata fatta utilizzando il programma ImageJ (National Institute of Health, Bethesda, Maryland, USA; version 1.52c). Molto brevemente, le immagini sono state convertite in bianco e nero, il contrasto massimizzato, e la rispettiva percentuale di pixel è stata calcolata.

La percentuale media di pixel neri è stata utilizzata come stima della copertura vegetale per ogni sito.

Inoltre, la tipologia del substrato è stata rilevata in ogni sito, sia sulla zona terrestre che acquatica, usando un telaio di metallo diviso in 25 quadrati (10 × 10 cm). Il quadrato è stato posizionato casualmente in quattro punti del sito (due volte nella zona terrestre e due nella zona acquatica) e la tipologia del substrato è stata determinata in percentuale relativa. Sono state anche identificate le specie arboree e arbustive della zona ripariale. Durante il campionamento in gennaio, i parametri quali il pH, la conduttività e il tenore in ossigeno sono stati misurati con una sonda multipla (HQ40D, Hach) e sono stati raccolti campioni d'acqua per l'analisi di fosfati e nitrati con kit analitici in laboratorio.

2.5 Analisi dei campioni

In laboratorio, ogni striscia di cotone è stata accuratamente lavata sotto l'acqua corrente per rimuovere i sedimenti e le alghe. Le bande che dovevano poi essere utilizzate per il metabarcoding e la misurazione dell'ergosterolo sono state tagliate a metà e poste in una piastra di Petri sterile. Queste due metà sono state a loro volta tagliate in piccoli quadrati di circa 0.5 × 0.5 cm di dimensione e poi conservati in piccoli sacchetti ziplock a -20° C. Per evitare la contaminazione, un becco Bunsen è stato lasciato acceso durante la manipolazione dei campioni, creando così un'atmosfera sterile. Le bande per la determinazione della resistenza alla trazione sono state sommerse in etanolo (80%) per 30 secondi dopo il lavaggio così da bloccare qualsiasi attività microbica, e poi sono state asciugate a 40° C per almeno 24 ore (Tiegs et al. 2013).

2.6 Resistenza alla trazione

La resistenza alla trazione delle bande di cotone è stata misurata usando un tensiometro automatico (Zwick Roell Z050). A questo scopo, le estremità delle bande (circa 1 cm) sono state rinforzate con del nastro Leukotape per evitare che scivolassero fuori dalle prese dell'apparecchio. Dopodiché è stata applicata una velocità di trazione di 2 cm/min e la rispettiva forza di trazione massima prima della rottura delle bande è stata misurata. Le bande che si sono strappate nel punto di contatto delle impugnature non sono state incluse nell'analisi statistica. La perdita di forza di trazione è stata espressa come percentuale della forza di trazione iniziale (misurata da bande non esposte nel campo) per giorno e per grado, tenendo conto della temperatura giornaliera (Equazione 1).

Equazione 1: Formula per determinare la resistenza alla trazione per giorno e grado giornaliero.

$$\text{Perdita di trazione} = 1 - \left[\frac{\text{Perdita di trazione}_{\text{Bande esposte sul campo}}}{\text{Perdita di trazione}_{\text{Bande di riferimento}}} \times 100 \right] / \text{Giorni di esposizione}$$

2.7 Metabarcoding

Estrazione del DNA e test PCR

Circa 10 quadrati di tessuto sono stati utilizzati per l'estrazione del DNA, utilizzando il kit DNeasy PowerSoil (Qiagen) secondo il protocollo fornito dal produttore. La quantità di DNA è stata misurata con uno spettrometro Nanodrop a 260 nm e i rapporti 260/230 e 260/280 sono stati controllati per determinare la qualità di estrazione (Ramón-Laca et al., 2015). Per la verifica, la quantità di DNA è stata misurata anche con Invitrogen. Per verificare se il DNA poteva essere amplificato durante la PCR, è stata eseguita una PCR sui campioni con una bassa concentrazione di DNA. I seguenti reagenti sono stati utilizzati per ogni campione: 9 μ L H₂O, 0.75 μ L di forward primer, 0.75 μ L di reverse primer, 12.5 μ L di Taq PCR Master Mix (Qiagen) e 2 μ L di DNA. I primer utilizzati (Tabella 1) sono specifici alla regione ITS2 (Toju et al., 2012), per i quali le banche dati di identificazione dei funghi sono relativamente ben fornite.

Tabella 2: La coppia di primer usata per l'amplificazione del DNA (alto) e il profilo di temperatura della PCR (basso).

ITS3_KYO2_NGS (forward)	5' - GATGAAGAACGYAGYRAA - 3'
ITS4_KYO2_NGS (reverse)	5' - RBTTTCTTCCTCCGCT - 3'
-	10 min.: 95°C
-	35 × [20 sec. 94°C – 30 sec. 47°C – 20 sec. 72°C]
-	7 min.: 72°C

Il successo dell'amplificazione e la lunghezza del frammento è stato controllato mediante l'elettroforesi su gel di agarosio. Dopo avere controllato di aver amplificato il DNA, il DNA estratto è stato inviato al laboratorio AIM GmbH di Monaco per il sequenziamento ed il trattamento bioinformatico. Quest'ultimo ha portato a un elenco di specie basato sulle sequenze rilevate e sul loro confronto con i database tassonomici di sequenze pubblicati (Tabella A5). Sebbene questi risultati riportino il numero di coppie per sequenza e campione, questi dati di abbondanza devono essere utilizzati con cautela, poiché è noto che alcune sequenze si amplificano più facilmente di altre e quindi producono artefatti nelle stime di abbondanza relativa basata sul metabarcoding.

PCR e sequenziamento Illumina

La PCR multiplex è stata eseguita utilizzando 5 μ L di DNA estratto, il kit Plant MyTAQ (Bioline, Luckenwalde, Germania) e un primer mini barcode (Tabella 2). Il DNA amplificato è stato purificato e risospeso in 50 μ L di acqua molecolare ciascuno. Una seconda PCR è stata eseguita utilizzando Illumina Nextera XT (Illumina Inc., San Diego, USA), con lo stesso profilo di temperatura ma compiendo unicamente sette cicli. Le concentrazioni di DNA sono state misurate

utilizzando un fluorimetro Qubit (Life Technologies, Carlsbad, USA) e i campioni sono stati poi raggruppati in pool da 40 μ L con concentrazioni equimolari di 100 ng ciascuno. Il DNA raggruppato è stato purificato utilizzando MagSi-NGSprep Plus Beads (Steinbrenner Laborsysteme GmbH, Wiesenbach, Germania). Il volume di eluzione finale era di 20 μ L. Il sequenziamento è stato eseguito su un Illumina MiSeq con chimica v3 (2 \times 300 bp, 600 cicli, massimo 25 milioni di letture paired-end).

Elaborazione delle sequenze

I dati Fastq sono stati elaborati con il programma USEARCH-Suite. Le sequenze di aggiustamento sono state rimosse con CUTADAPT K61 (parametro standard). Tutte le sequenze che non contenevano le corrispondenti sequenze di aggiustamento sono state filtrate. Le restanti fasi di pre-elaborazione (filtraggio della qualità, dereplicazione, filtraggio delle chimere e clustering) sono state eseguite utilizzando la VSEARCH-Suite v2.9.162. Per creare la tabella OTU, è stato utilizzato uno script Perl personalizzato. Per ridurre il rischio di falsi positivi, è stata eseguita una pulizia per escludere il numero di letture nella tabella OTU che rappresentano < 0.01% del numero totale di letture nel campione. Le sequenze sono state poi allineate con il database pubblico GenBank della NCBI utilizzando il programma BLAST.

2.8 Biomassa fungina

La biomassa fungina dalle bande di cotone è stata stimata utilizzando il test dell'ergosterolo. L'ergosterolo è un lipide della membrana cellulare fungina e si presenta in concentrazioni relativamente costanti nelle ife dei funghi filamentosi acquatici e terrestri (Gessner & Chauvet, 1993). Le bande sono state liofilizzate prima di essere pesate e l'ergosterolo è stato estratto secondo il protocollo descritto da Gessner (2020). L'ergosterolo è stato poi quantificato grazie alla tecnica della cromatografia liquida ad alta prestazione (UHPLC, Agilent 1290 Infinity) con parametri operativi ottimizzati rispetto al protocollo originale. I parametri sono stati ottimizzati calcolando la biomassa fungina utilizzando un fattore di conversione di 5.5 mg-g⁻¹ di ergosterolo ed espresso come biomassa fungina per mg (peso secco) di cotone (Gessner & Chauvet, 1993).

Abbiamo analizzato i seguenti campioni: nella parte acquatica delle rive abbiamo analizzato campioni esposti rispettivamente per 43 giorni (\pm 2 giorni a seconda della pianificazione dei giorni di lavoro sul campo) e 70 giorni (\pm 2 giorni), mentre nella parte terrestre abbiamo analizzato campioni esposti per 129 giorni (\pm 4 giorni). A causa di atti di vandalismo, i campioni del sito 10 sono stati distrutti.

2.9 Analisi dati

Tutti i calcoli statistici sono stati eseguiti con il programma R. I grafici sono stati creati in R con il pacchetto ggplot2 o in Excel. L'analisi multivariata PCA è stata usata per analizzare quanto fortemente i siti possono essere raggruppati in base ai parametri ambientali misurati. Sono stati considerati i seguenti parametri misurati in ogni sito: substrato, temperatura dell'acqua o dell'aria, fosforo, luce, vegetazione e comunità di funghi. Per standardizzare l'analisi, tutte le variabili sono state prima espresse in gradi.

Per mostrare la dispersione della forza di strappo all'interno di un sito, i risultati sono stati presentati sotto forma di boxplot e testati con una ANOVA. Le differenze significative tra le medie dei gruppi sono state determinate usando il test Tukey HSD.

Sulla base delle OTU determinate (de Souza et al., 2021), compresi quelli che non potevano essere assegnati a una specie perché non sono ben rappresentati in GenBank, la diversità alpha è stata determinata per ogni sito. Per mostrare le differenze tra le comunità di specie dei diversi siti, la β -diversità è stata calcolata e presentata con un'analisi multidimensionale non metrica (NMDS). Dei test di Pearson sono stati poi utilizzati per testare le relazioni fra variabili ambientali e la diversità fungina.

3 Risultati

3.1 Resistenza alla trazione

La forza di trazione delle bande di cotone non esposte in campo era di 304 Newton. Dalla Figura 4 si nota che i campioni acquatici (rosso e verde) hanno perso più forza di trazione rispetto ai campioni terrestri (blu), nonostante i tempi di incubazione più brevi, con un'alta variabilità in alcune località. Confrontando le bande di cotone della zona acquatica tra di loro (primo campionamento, 41-45 giorni di esposizione), è risultato un valore p molto significativo (valore $p = 3.3 \times 10^{-4}$). Tra questi, ci sono differenze particolarmente significative tra il sito 1 e tutti gli altri siti (ad eccezione del sito 7). Confrontando le bande di cotone che sono state lasciate in acqua più a lungo (secondo campionamento, 67 - 72 giorni di esposizione), è stato determinato anche un valore p significativo (valore $p = 1.54 \times 10^{-7}$). In particolare, i siti 2, 3 e 6 si distinguono chiaramente dagli altri siti. Più lungo è il periodo di incubazione delle bande di cotone, maggiore è la significatività statistica delle differenze tra i siti. Le bande di cotone della zona terrestre (blu) non mostrano differenze significative tra i nove siti (valore $p = 0.066$).

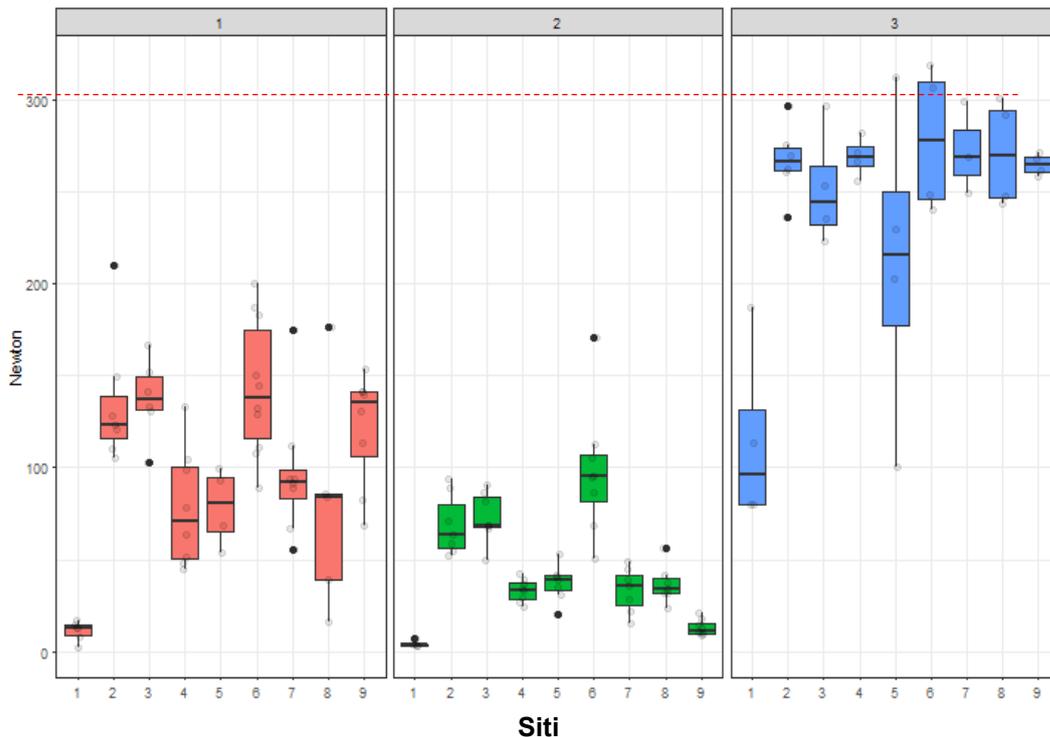


Figura 4: Differenza tra i tre campionamenti: $p = <2e-16$ ***. Il primo gruppo (rosso) corrisponde alle bande di cotone in acqua raccolte dopo 41-45 giorni di esposizione, il secondo gruppo (verde) corrisponde alle bande di cotone in acqua estratte dopo 67-72 giorni e il terzo gruppo (blu) rappresenta le bande di cotone nella zona terrestre e sono state raccolte dopo 130 giorni.

3.2 Parametri ambientali

I parametri ambientali variavano ampiamente tra i siti di studio, ma anche tra le parti acquatiche e terrestri degli stessi siti (Tabella 3). Le principali differenze in termini di ecomorfologia sono tra siti vegetati e non vegetati. I siti vegetati tendono ad avere una maggiore copertura vegetale sulle rive, una maggiore copertura del substrato da parte di foglie e altra materia organica, e di conseguenza si osserva un substrato minerale meno esposto. Queste differenze sono rilevanti per la decomposizione della materia organica e per le comunità coinvolte in questo processo. In termini di parametri di qualità dell'acqua, i siti erano simili, con un pH compreso tra 7.2 e 8.6, e una conducibilità elettrica compresa tra 186 e 353 $\mu\text{S}/\text{cm}$.

Tabella 3: Parametri ambientali che descrivono la copertura del substrato delle parti acquatiche e terrestri dei siti di studio e la loro copertura con vegetazione legnosa. Sono elencate la copertura del substrato (in %), la copertura (in %) da parte della vegetazione alta misurata verticalmente verso il cielo ("Veg. legn") e il numero di specie di vegetazione legnosa ("Spp. Veg.").

Sito	Foglie	Rami	Legno	Canneto	Erba	Muschi	Radici	Semi	Sassi	Veg. legn	Spp Veg.
1 acqua	100	22	0	56	0	0	0	0	0	29	6
1 terra	100	20	0	0	0	0	0	0	0	36	6
2 acqua	80	0	18	34	0	0	0	0	0	37	4
2 terra	99	42	0	30	47	0	0	0	0	42	4
3 acqua	45	0	8	12	0	0	0	0	71	23	7
3 terra	95	0	26	45	9	0	0	0	18	29	7
4 acqua	85	0	0	0	0	0	0	0	97	32	11
4 terra	91	17	10	0	0	34	17	0	26	35	11
5 acqua	10	0	0	0	0	0	0	0	100	29	5
5 terra	70	0	49	20	0	0	0	19	73	23	5
6 acqua	0	0	0	0	0	0	0	0	100	23	2
6 terra	67	10	6	0	13	0	2	0	70	17	2
7 acqua	0	0	0	0	0	0	0	0	100	13	4
7 terra	100	0	0	0	18	0	0	0	35	25	4
8 acqua	0	0	0	0	0	0	0	0	100	28	6
8 terra	94	13	17	0	0	0	0	0	60	40	6
9 acqua	100	7	0	0	0	0	0	0	0	41	5
9 terra	100	9	7	0	5	0	0	0	28	17	5

Tabella 4: Parametri ambientali che descrivono la pendenza delle rive e la composizione del substrato minerale in ogni sito di studio. Dati ripresi da LMA-SUPSI (2021) in cui sono stati usati gli stessi siti di studio tranne il sito 4.

Sito	Pendenza	Substrato <0.25mm	Substrato 0.25-1mm	Substrato 1-2 mm	Substrato 2-6 mm	Substrato 6-25 mm	Substrato >25 mm
1	13°	15	35	35	15	0	0
2	14°	0	20	60	20	0	0
3	14°	0	20	30	30	15	5
4	-	-	-	-	-	-	-
5	16°	0	0	0	20	40	40
6	14°	0	0	0	5	90	5
7	10°	0	0	0	5	30	65
8	13°	0	0	5	35	45	15
9	14°	0	0	0	0	90	10

Tabella 5: Parametri fisico-chimici che descrivono la qualità d'acqua misurata tra il 22 e il 24 Marzo 2021. I valori del nitrato e del fosfato rappresentano le parti solubili di queste molecole (dopo filtrazione). Il pH e la conducibilità non sono stati potuti essere misurati per il sito 5 a causa di un malfunzionamento dell'apparecchio.

Sito	pH	Cond. ($\mu\text{S}/\text{cm}$)	Nitrato (mg/l)	Fosfato (mg/l)
1	7.6	242	1.4	0.33
2	7.39	223	1.4	< 0.05
3	7.18	223	0.9	< 0.05
4	7.34	239	1.6	< 0.05
5	-	-	1.2	< 0.05
6	8.64	223	1.5	< 0.05
7	8.05	186.1	0.8	< 0.05
8	8.05	188.2	1.0	< 0.05
9	7.45	353	0.6	0.04

La PCA basata sui dati ambientali delle zone acquatiche (dati ecomorfologici e parametri fisico-chimici: temperatura standardizzata (espresso in degree-days), nutrienti (nitrati e fosfati) e pH) ha mostrato una chiara separazione dei siti di studio (Figura 5). Il tasso di luminosità, la presenza di canneti e di legno morto dominano i fattori ambientali nel sito 1 e 2. Valori alti del pH e il substrato ghiaioso sono i fattori dominanti del sito 6, 7 e 8. Queste correlazioni mostrano una tendenza a una maggiore decomposizione nei siti con foglie (ad esempio il sito 9). L'elevato tasso di decomposizione nel sito 1 (Figura 4; probabilmente dovuto ad alti livelli di nutrienti e copertura di materia organica) non è stato rilevato dalla PCA probabilmente perché questo effetto è stato compensato da alti tassi di decomposizione anche nei siti con sedimenti minerali esposti (freccie opposte per questi parametri ambientali nella Figura 5). Questo dimostra una limitazione dell'analisi multivariata con PCA. Le correlazioni dirette tra parametri ambientali e tassi di decomposizione sono più adatte per tali analisi (descritto sotto).

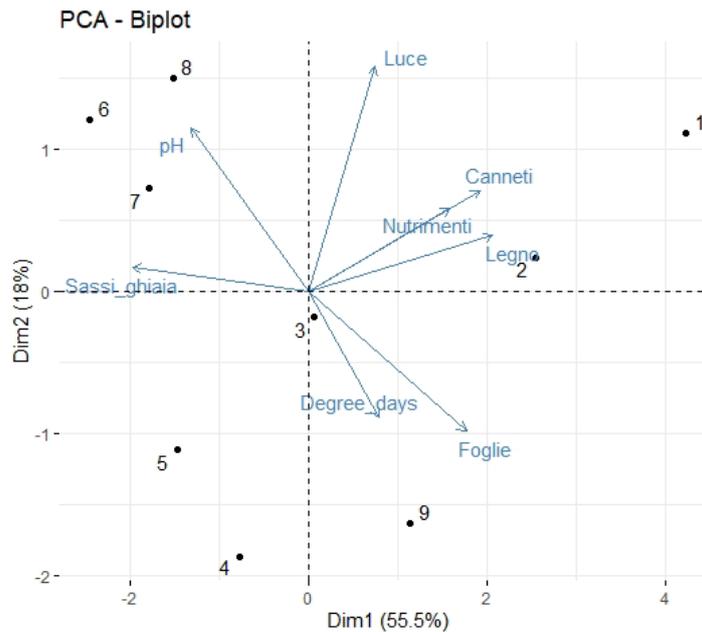


Figura 5: Le prime due componenti principali della PCA che mostrano la loro somiglianza in base ai parametri ambientali misurati nelle zone acquatiche dei siti. Più vicini sono i punti (siti campionati), più simili sono le condizioni ambientali.

3.3 Diversità fungina

La diversità fungina presente sulle bande di cotone è stata determinata utilizzando il metabarcoding. Un totale di 1470 OTU sono stati identificati durante il metabarcoding. Di questi, 782 OTU corrispondevano al 97% a una sequenza di riferimento. Sono stati determinati un totale di 483 OTU del regno fungino, tra cui 326 Ascomycota e 101 Basidiomycota (= 90% di tutte le sequenze fungine). Mentre sono state identificate 211 specie nella zona acquatica, e quasi il doppio, ben 378 specie nella zona terrestre. Gli ascomiceti sono dominanti in entrambi gli habitat. Tuttavia, la bassa diversità delle specie negli habitat acquatici deve essere presa in considerazione. La Figura 6 mostra che gli Ascomycota sono più fortemente rappresentati nell'area acquatica che in quella terrestre. Una lista dettagliata delle specie si trova nella Tabella A5. Circa 232 OTU (48%) sono determinabili al livello di specie e altre 67 OTU al genere (13.9%). I rimanenti OTU sono identificabili al livello della famiglia o a un livello tassonomico superiore (Figura 7). Nei campioni terrestri, è stato estratto più DNA e perciò sono state identificate un numero maggiore di specie rispetto ai campioni acquatici (378 contro 211 specie).

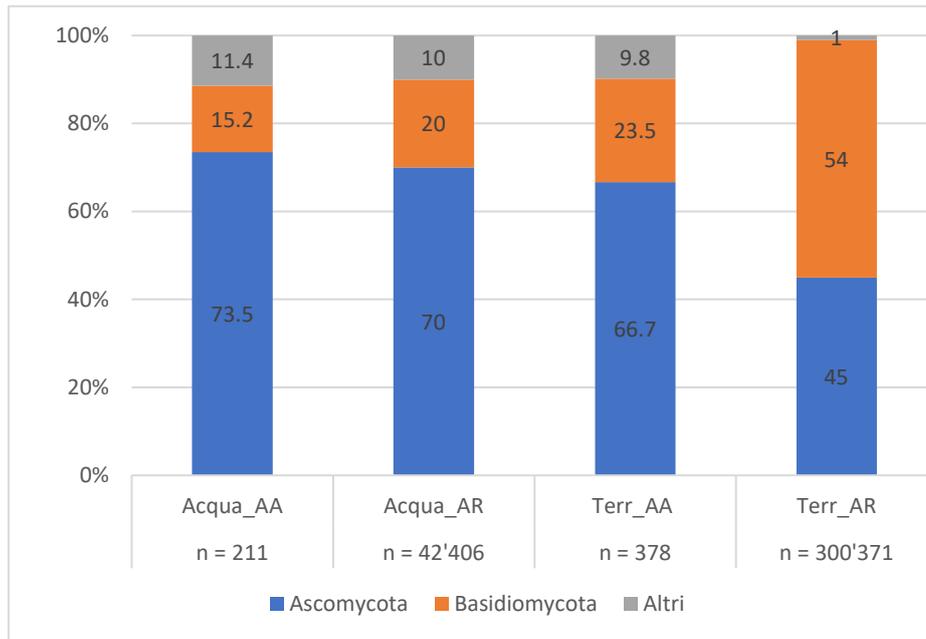


Figura 6: Specie di funghi in % per phylum. AA = Numero di specie considerate, AR = Numero di letture considerate.

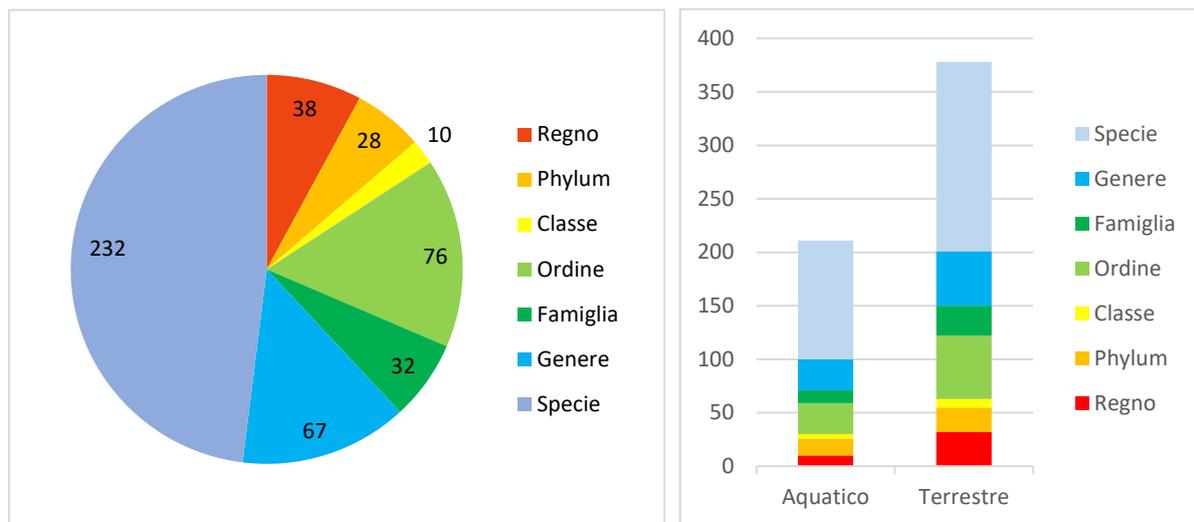


Figura 7: Il livello tassonomico di tutti i funghi identificati (pannello sinistro). Quasi la metà sono identificati a livello di specie. Il livello tassonomico dei funghi identificati secondo l'habitat terrestre o acquatico (pannello destro).

Nonostante il maggior numero di specie nell'habitat terrestre, l'indice di Shannon è più alto nei siti 1, 2 e 3 dell'habitat acquatico. In tutti gli altri siti, l'indice di Shannon è più alto nell'habitat terrestre. Un'eccezione è il sito 6, dove il numero di specie è più alto nell'habitat acquatico e l'indice di Shannon mostra solo una differenza di 0.1. Una panoramica di tutti i dati della diversità di Shannon e Simpson è riportata nella Tabella A3. I siti 2, 3 e 6 sono i siti in cui sono state

osservate le più alte percentuali di specie presenti in entrambi gli habitat. Questi siti hanno anche il più alto numero di specie sommando le specie nei due habitat (Figura 8).



Figura 8: Numero di specie identificate per sito. Numeri = Sito; A = Acquatico; T = Terrestre.

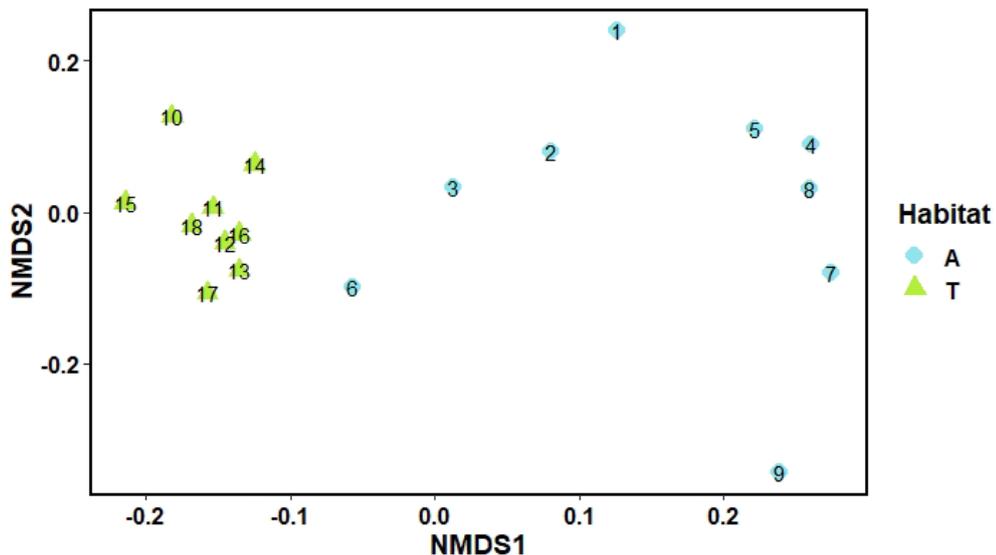


Figura 9: Analisi NMDS. I campioni terrestri (T) sono più simili, mentre i campioni acquatici (A) mostrano maggiori differenze.

L'analisi NMDS (Figura 9), così come la mappa di calore (Figura A4), mostrano che le comunità terrestri sono più simili tra loro delle comunità acquatiche. Va notato che il numero di specie identificate è inferiore nella maggior parte dei campioni acquatici e ciò può influenzare fortemente i risultati delle analisi di comunità. Secondo l'analisi NMDS, la composizione delle specie e l'abbondanza del sito 1 si distingue dagli altri siti in entrambi gli habitat. Colpisce anche il fatto che i siti acquatici 2, 3 e 6 si avvicinano ai campioni terrestri secondo la rappresentazione NMDS (Figura 9). In questi siti, c'era la più grande sovrapposizione nella composizione delle specie dei due habitat.

3.4 Biomassa fungina

La biomassa fungina presente sulle bande di cotone dopo l'esposizione nell'esperimento è stata complessivamente molto bassa, variando da un valore inferiore al limite di detezione a 19 mg per grammo di massa secca di cotone (quindi 1.9% della massa secca era composta da biomassa fungina in questo campione del sito 1; Figura 10). Anche in alcuni altri siti terrestri si è determinata una certa biomassa fungina (tra lo 0,6 e lo 0,9 %, siti 2 e 5), mentre non abbiamo rilevato alcuna biomassa fungina sulle bande di cotone esposte nelle zone acquatiche dei siti di studio. Questi dati non sono quindi adatti all'analisi statistica.

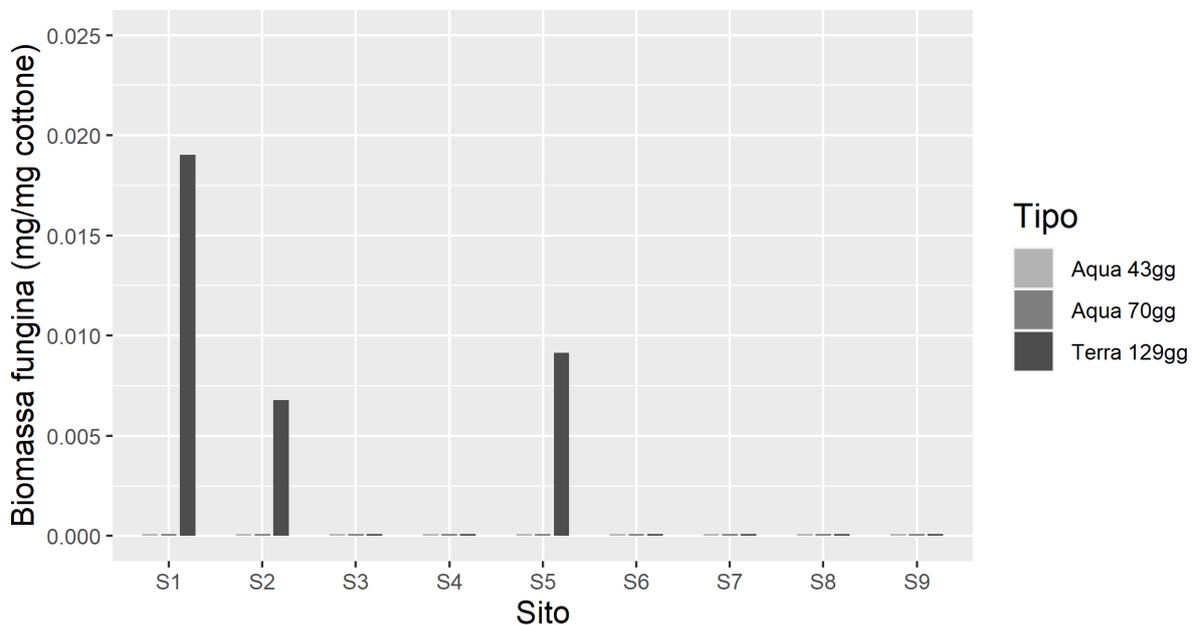


Figura 10: Elenco della biomassa fungina sulle bande di cotone campionate nelle zone acquatiche (due date di campionamento) e terrestri in diverse rive del Lago Ceresio.

3.5 Correlazioni con i parametri ambientali

I test di Pearson per le correlazioni fra le diverse specie (calcolato come diversità Shannon) nei vari siti e i parametri ambientali di essi hanno rilevato nella maggior parte dei casi solo deboli correlazioni (Tabella 6). Nell'habitat acquatico si ottiene una correlazione quasi significativa solo quando si confronta l'indice di Shannon con la proporzione di strutture legnose (valore $p = 0.057$) e con la proporzione di canneti (valore $p = 0.058$) (Figura 11). Questo risultato indica che queste due strutture di habitat promuovono la diversità delle specie nelle zone acquatiche delle rive. Nell'habitat terrestre, la diversità fungina è correlata negativamente ma in modo significativo (valore $p = 0.041$) con la copertura da parte della vegetazione legnosa alta.

Tabella 6: Valori delle correlazioni Pearson fra la diversità delle specie fungine (calcolato come diversità Shannon) ed i maggiori parametri ambientali della ecomorfologia. I valori di elevata significatività sono evidenziati in grassetto. Paragona con Tabella 1.

Parametro	Zone acquatiche		Zone terrestri	
	R (pendenza)	Valore p	R (pendenza)	Valore p
Foglie	0.28	0.47	-0.36	0.35
Legno	0.65	0.057	-0.012	0.98
Canneto	0.65	0.058	-0.41	0.27
Sassi	-0.38	0.31	0.31	0.41
Veg. alta	0.1	0.8	-0.69	0.041
Spp. Veg.	-0.1	0.8	0.38	0.31

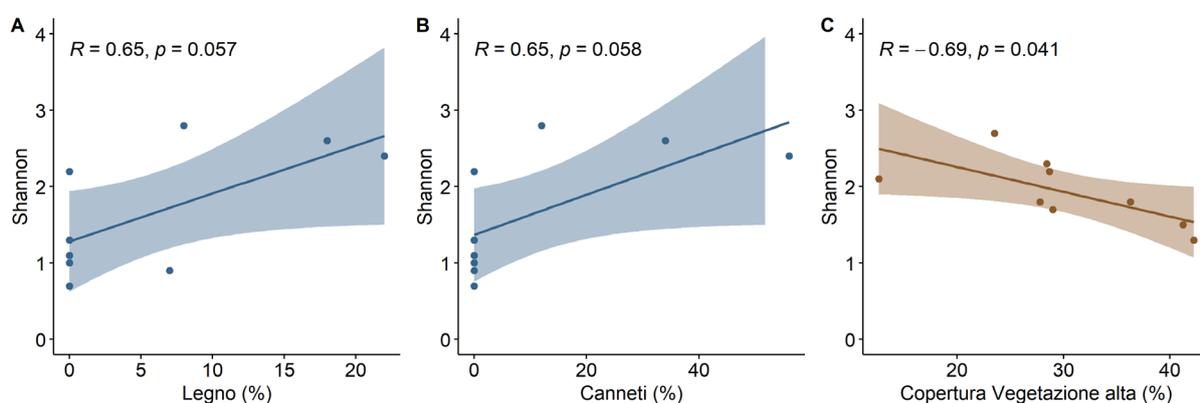


Figura 11: Visualizzazione delle analisi di correlazione Pearson tra l'indice di Shannon e la proporzione di strutture legnose (A) e della vegetazione a canneto (B) nei siti acquatici (blu), e l'intensità di copertura con vegetazione alta (legnosa) nei siti terrestri (C; marrone).

4 Discussione

4.1 Decomposizione della materia organica

Le bande di cotone sono state testate come bioindicatore della salute dei corsi d'acqua (Pigram et al., 2020) e loro zone ripariali (Tiegs et al. 2019). La temperatura media dell'acqua, le concentrazioni di nutrienti e la concentrazione di ioni disciolti sono spesso i fattori più influenti per la loro decomposizione. Nel nostro studio, la decomposizione (misurata come perdita di resistenza alla trazione) è stata molto maggiore nei campioni acquatici che in quelli terrestri, anche se sono stati lasciati in campo più a lungo (Figura 4).

Da un lato, questo può essere spiegato dall'usura fisica del materiale, che è più pronunciata in acqua. Abbiamo osservato una forte disgregazione fisica delle bande, soprattutto quando erano esposte in siti con forti moti ondosi in particolare se i siti avevano un substrato minerale grossolano (Tabella 4). Questa combinazione ha probabilmente causato un forte attrito delle bande durante l'esperimento. Tuttavia, ciò rappresenterebbe una disintegrazione abiotica dei campioni e non una decomposizione microbiologica. Nelle zone terrestri, questi fattori abiotici non hanno evidentemente gli stessi effetti sulla disintegrazione delle bande di cotone. Infatti, le bande esposte nelle zone terrestri degli stessi siti non hanno mostrato tassi di decomposizione particolarmente rapidi. A nostra conoscenza, questi effetti dell'abrasione fisica negli habitat d'acqua dolce non sono mai stati studiati in modo specifico.

Colpisce anche la bassa resistenza alla trazione delle bande di cotone del sito 1, sia nell'area acquatica che in quella terrestre. Durante il campionamento, erano presenti numerosi cormorani, che presumibilmente hanno causato un aumento dei livelli di fosfato sia sulla terra che nell'acqua (Tabella 5). Allo stesso modo, si presume che sia un sito con una forte dinamica, dato che l'eulitorale è stato insabbiato temporaneamente e le bande di cotone erano ricoperte di guano e fogliame, che probabilmente hanno aumentato la velocità di decomposizione. Il fatto che la resistenza alla trazione diminuisca con l'aumento delle concentrazioni di nutrienti nei corpi idrici è già stato dimostrato in altri studi (Boulton & Quinn, 2000; Tiegs et al., 2013). Si presume che una moderata disponibilità di nutrienti stimoli l'attività microbica perché i microorganismi sono in grado di assimilare e utilizzare i nutrienti provenienti dall'ambiente in cui vivono e non solo dal substrato su cui crescono (Tiegs et al., 2013).

4.2 Comunità fungine in zone terrestre e acquatiche

Una gran parte delle specie fungine osservate negli habitat acquatici e terrestri appartenevano al phylum Ascomycota (circa il 76%), mentre il resto erano Basidiomycota o altri phyla. Negli habitat d'acqua dolce, specialmente nei corsi d'acqua, una dominanza di Ascomycota è già stata osservata in altri studi (Bärlocher, 2016). Tuttavia, molte delle specie di questi due gruppi

di funghi si trovano frequentemente in entrambi gli habitat (Shearer et al., 2007). La maggiore diversità delle specie nell'habitat terrestre confronto a quello acquatico nello studio attuale può essere spiegata dal fatto che il periodo di incubazione in questo habitat era quasi il doppio di quello dell'habitat acquatico. Inoltre, le bande di cotone sono più esposte a fattori che accelerano la degradazione del DNA in acqua che sulla terraferma (Harrison et al., 2019). Soprattutto nello strato superiore dell'acqua e sul litorale, la degradazione del DNA è più veloce che in altre zone lacustri in profondità (Matsui et al., 2001). Inoltre, nella banca dati di riferimento sono disponibili più sequenze per le specie terrestri che per quelle acquatiche e che queste possano quindi essere identificate più frequentemente.

Le comunità dello studio attuale differiscono sostanzialmente tra siti di studio dello stesso tipo (fra acquatici e terrestri; Figura 9). La diversità delle comunità acquatiche ha beneficiato della presenza di foglie e canneti (Figura 11; queste correlazioni sono molto simili perché le foglie e i canneti spesso si co-occultavano se erano presenti in un sito). Ciò può essere spiegato dalla comunità fungina di fondo più sviluppata in questi siti, grazie all'abbondanza di un substrato molto adatto. Queste comunità hanno quindi probabilmente colonizzato le bande di cotone in modo più intensivo. Questo effetto non era evidente nelle zone terrestri. Le comunità terrestri hanno invece beneficiato di una minore copertura di vegetazione legnosa. È possibile che la scarsa copertura da parte della vegetazione legnosa favorisca l'eterogeneità fisica dell'habitat e la diversità delle piante più piccole. Entrambi questi fattori favorirebbero la diversità delle comunità fungine terrestri. Tuttavia, si tratta di ipotesi indirette e mancano misurazioni su piccola scala delle condizioni fisiche che potrebbero essere utilizzate per descrivere l'eterogeneità dell'habitat su piccola scala.

Confrontando la composizione delle comunità terrestri e acquatiche (Figura 9 e Tabella A5), risulta evidente il particolare posizionamento delle comunità acquatiche nel sito 6 (e 3), la cui comunità era molto simile a quella terrestre dello stesso sito e di altri. L'elevato numero di specie (Figura 8) e la composizione della comunità (Tabella A5) suggeriscono che molte specie tipiche delle zone terrestri (p. es. quelli del phylum Basidiomycota) hanno colonizzato le bande di cotone installate nella zona acquatica del sito 6. Questo risultato si riflette anche nella percentuale relativamente alta di specie presenti in entrambi gli habitat in questi siti (Figura 8). È interessante vedere che alcune specie acquatiche tipiche sono comunque presenti nella zona acquatica di questo sito (p. es. i tipici ifomiceti acquatici *Lemonniera centrosphaera* e *Alatospora sp.* che si trovano spesso in piccoli corsi d'acqua). La stessa situazione vale per la zona acquatica del sito 3, anche se la somiglianza con le zone terrestri è meno marcata rispetto al sito 6.

Con i dati a nostra disposizione non riusciamo a spiegare perché la comunità acquatica di questo sito è più simile a quelle dei siti terrestri. Non si distingue dall'insieme dei siti acquatici per la morfologia o i parametri chimici dell'acqua, né ha proprietà abiotiche particolarmente

simili a quelle dei siti terrestri. La spiegazione più parsimoniosa dell'abbondante presenza di specie terrestri è che le bande installate nella zona acquatica di questo sito sono state per un'importante parte del tempo esposte a condizioni terrestri (ad esempio a causa della riduzione del livello dell'acqua). Se un sito è asciutto, i funghi terrestri aumentano, mentre la diversità e l'attività dei funghi acquatici diminuisce (Chauvet et al., 2016; Truchy et al., 2020). In alternativa, l'ecomorfologia di questo sito ha contribuito a un forte trasporto di spore di funghi terrestri nella zona acquatica, che hanno poi colonizzato le bande acquatiche. È tuttavia difficile identificare il parametro ecomorfologico che ha facilitato questo scambio, poiché i siti 6 (e 3) presentano ecomorfologie diverse fra di loro (Tabella 3 e 4). La presenza simultanea di comunità fungine acquatiche e terrestri è stata dimostrata in uno studio simile a questo in diversi habitat delle Bolle di Magadino (SUPSI-IM, 2022) usando delle foglie di quercia. Anche in quel caso, i frequenti eventi di inondazione probabilmente spiegano questa sovrapposizione di comunità.

L'analisi NMDS (Figura 9) e l'analisi della mappa di calore (Figura A3) mostrano una grande varietà fra comunità degli habitat acquatici. Bisogna tener conto del fatto che in molti siti acquatici solo poche specie hanno potuto essere identificate (Figura 7 e 8), e spesso a bassa risoluzione tassonomica. Il basso numero di specie potrebbe aumentare le differenze stocastiche tra le comunità. In generale, la diversità (e la biomassa) fungina negli ecosistemi d'acqua dolce dipende da vari fattori come il pH, la disponibilità di nutrienti e la geomorfologia di un corpo idrico (Bergfur & Sundberg, 2014; Clivot et al., 2014; Duarte et al., 2009, 2015). L'eutrofizzazione (Lecerf & Chauvet, 2008; Pascoal & Marvanová, 2005) ha spesso effetti negativi sulla diversità fungina, mentre gli effetti dovuti al pH sembrano essere specifici per ogni specie (Duarte et al., 2017; Rosset & Bärlocher, 1985). Una maggiore diversità dei funghi con un pH basso è stata osservata in alcuni studi (4.9-6.8: Chamier, 1987; 4.3-7.1: Baudoin et al., 2008; 5.4-7.3: Bärlocher, 1987), in altri invece la biodiversità maggiore coincide con un pH neutro (6.0-8.5, Wood-Eggenschwiller & Bärlocher, 1983). Nelle nostre indagini concernenti il Lago Ceresio, sono state misurate differenze di pH fino a 1.46 tra i vari siti, ma queste non avevano una correlazione significativa con la diversità fungina, probabilmente perché si tratta di un intervallo ristretto di pH vicino al valore di pH neutro. Anche altri fattori chimici non sono significativamente correlati con la diversità fungina. È possibile che il set di dati sia troppo piccolo e che i vari fattori ambientali nei singoli siti siano troppo eterogenei per poter identificare chiaramente la loro influenza.

Sorprende anche la bassa diversità di specie nei campioni acquatici a Porlezza (sito 9), dove sono state identificate solo quattro specie. Una spiegazione potrebbe essere che il sito di Porlezza è caratterizzato da un'acqua di scarsa qualità a causa della prossimità all'immissario Canale Lagadone che drena la pianura di Porlezza. Questo potrebbe limitare la comunità a delle specie molto resistenti. Tuttavia, per verificare questa affermazione, bisognerebbe effettuare un'analisi dell'acqua e testare la presenza di inquinanti come i fungicidi.

4.3 Biomassa fungina

La biomassa fungina misurata dalle bande di cotone esposte sulle varie rive era estremamente bassa e non rilevabile nella maggior parte dei siti. In alcuni siti terrestri (siti 1, 2 e 5) è stata rilevata una certa biomassa fungina, ma anche questi valori sono relativamente bassi. Questi valori estremamente bassi sono sorprendenti se confrontati con i valori tipici della biomassa fungina misurata con gli stessi metodi su foglie naturali, anche da foglie con una qualità nutrizionale molto bassa in termini di nutrienti e sostanze inibitorie (Gessner & Chauvet 1994). I valori tipici della biomassa fungina dopo un lungo periodo di colonizzazione (da settimane a mesi) variano tra circa 60 e 150 mg/g di materiale fogliare (cioè tra il 6 e il 15 %; Gessner & Chauvet 1994) con valori molto simili in siti terrestri mostrato in uno studio che paragonava siti acquatici e terrestri (A. Bruder, *non pub.*). Il più basso di questi valori è comunque tre volte superiore ai valori più alti rilevati nei siti terrestri del nostro studio. Nel nostro studio, il valore di biomassa fungina più alto è stato misurato nella zona terrestre del sito 1 che presentava anche i tassi di decomposizione più rapidi. È probabile che le elevate concentrazioni di nutrienti misurate nella zona acquatica di questo sito, probabilmente causate dalle abbondanti feci dei cormorani, abbiano favorito una certa crescita fungina sulle bande.

4.4 Bande di cotone come materiale standard per uso come bioindicatore

Questo studio aveva anche l'obiettivo di testare l'uso delle bande di cotone come materiale standard per un bioindicatore funzionale della qualità dell'ecosistema. Il tasso di decomposizione delle bande ha risposto fortemente a parametri ambientali come la composizione del substrato e i livelli di nutrienti (discusso in precedenza). A causa del basso numero di siti di studio e della sostanziale variabilità tra di essi in termini di parametri ambientali, dal nostro studio si possono trarre solo limitate conclusioni sull'idoneità di questo strumento come bioindicatore. Questa limitazione dovuto al piccolo set di dati si manifesta nell'elevata variazione dei dati nelle regressioni tra diversità e parametri ambientali (Figura 11), ma anche nella curva di saturazione delle specie osservata con il metabarcoding (Figura A1). Queste indicazioni dovrebbero essere verificate in uno studio più ampio.

Tuttavia, i dati sulla biomassa fungina misurata sulle bande di cotone indicano un'altra limitazione di questa metodica come bioindicatore. Mentre i funghi filamentosi sono i decompositori dominanti della materia organica negli ecosistemi d'acqua dolce e del suolo forestale (Osono 2007, Krauss et al. 2011), sembra che siano stati coinvolti solo in minima parte nella decomposizione delle bande di cotone. Questi risultati sono confermati da uno studio simile che abbiamo condotto in diversi habitat acquatici e sulle loro rive terrestri nelle Bolle di Magadino (IM-SUPSI 2022). Anche in quello studio abbiamo rilevato una biomassa fungina molto bassa nonostante gli elevati tassi di decomposizione sulle bande di cotone. In quello studio, i fattori fisici (come l'abrasione nello studio attuale) non erano importanti dato il tipo di siti scelto.

In quello studio siamo stati in grado di confrontare la biomassa fungina delle bande di cotone con quella delle foglie di quercia sia in zone acquatiche che terrestri. Questo confronto ha confermato la bassa biomassa fungina che cresce sulle bande di cotone, e quest'ultima non può essere spiegata solo dalla bassa qualità nutrizionale per i funghi.

I valori di biomassa complessivamente molto bassi, soprattutto se confrontati con quelli solitamente misurati delle foglie, suggeriscono che il materiale di cotone non è adatto alla crescita fungina. Ciò è probabilmente dovuto alla struttura filamentosa del materiale, molto diversa dalla matrice tridimensionale del substrato in cui i funghi sono abituati a crescere (cioè foglie e legno). È possibile che i batteri svolgano un ruolo più importante nella decomposizione delle bande di cotone rispetto ai funghi, perché non crescono in filamenti e possono probabilmente colonizzare e utilizzare in modo efficiente il materiale di cotone. Tuttavia, questo aspetto deve essere studiato in un esperimento specifico. A nostra conoscenza, nessun esperimento ha paragonato sistematicamente il coinvolgimento di funghi e batteri nella decomposizione delle bande di cotone. I risultati del metabarcoding (p. es. numero di sequenze; Figure A2 e A3) a partire dalle bande di cotone conferma qualitativamente i valori di biomassa bassi in particolare nelle zone acquatiche.

In conclusione, l'uso di bande di cotone come bioindicatore funzionale di habitat d'acqua dolce e terrestri non è ancora abbastanza consolidato da poterlo raccomandare su larga scala. In particolare, i vari fattori abiotici e biotici che contribuiscono alla sua decomposizione devono essere meglio compresi prima di un uso su larga scala. Gli studi metodologici futuri dovrebbero confrontare le bande di cotone e loro colonizzazione e decomposizione da parte di funghi con altri materiali standard che forniscono una matrice tridimensionale, come i bastoncini di legno o i DECOTABs (Frainer et al. 2021).

5 Bibliografia

- Alberdi, A., Aizpurua, O., Gilbert, M. T. P., & Bohmann, K. (2018). Scrutinizing key steps for reliable metabarcoding of environmental samples. *Methods in Ecology and Evolution*, 9(1), 134–147.
- BAFU. (2016). Der Lago di Lugano Zustand bezüglich Wasserqualität.
- Bärlocher, F. (1992). *The Ecology of Aquatic Hyphomycetes*. Springer Heidelberg.
- Bärlocher, F. (2016). Aquatic hyphomycetes in a changing environment. *Fungal Ecology*, 19, 14–27.
- Bergfur, J., & Sundberg, C. (2014). Leaf-litter-associated fungi and bacteria along temporal and environmental gradients in boreal streams. *Aquatic Microbial Ecology*, 73(3), 225–234.
- Boulton, A. J., & Quinn, J. M. (2000). A simple and versatile technique for assessing cellulose decomposition potential in floodplain and riverine sediments. *Archiv Für Hydrobiologie*, 133–151.
- Chamier, A.-C. (1985). Cell-wall-degrading enzymes of aquatic hyphomycetes: A review. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 91(1–2), 67–81.
- Chauvet, E., Cornut, J., Sridhar, K. R., Selosse, M.-A., & Bärlocher, F. (2016). Beyond the water column: Aquatic hyphomycetes outside their preferred habitat. *Fungal Ecology*, 19, 112–127.
- Clivot, H., Cornut, J., Chauvet, E., Elger, A., Poupin, P., Guérol, F., & Pagnout, C. (2014). Leaf-associated fungal diversity in acidified streams: Insights from combining traditional and molecular approaches: Leaf-associated fungal diversity in acidified streams. *Environmental Microbiology*, 16(7), 2145–2156.
- de Souza, L. M. D., Ogaki, M. B., Câmara, P. E. A. S., Pinto, O. H. B., Convey, P., Carvalho-Silva, M., Rosa, C. A., & Rosa, L. H. (2021). Assessment of fungal diversity present in lakes of Maritime Antarctica using DNA metabarcoding: A temporal microcosm experiment. *Extremophiles*, 25(1), 77–84.
- Duarte, S., Bärlocher, F., Pascoal, C., & Cássio, F. (2016). Biogeography of aquatic hyphomycetes: Current knowledge and future perspectives. *Fungal Ecology*, 19, 169–181.
- Duarte, S., Bärlocher, F., Trabulo, J., Cássio, F., & Pascoal, C. (2015). Stream-dwelling fungal decomposer communities along a gradient of eutrophication unraveled by 454 pyrosequencing. *Fungal Diversity*, 70(1), 127–148.
- Duarte, S., Pascoal, C., Garabétian, F., Cássio, F., & Charcosset, J.-Y. (2009). Microbial Decomposer Communities Are Mainly Structured by Trophic Status in Circumneutral and Alkaline Streams. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(19), 6211–6221.
- Duarte, Sofia, Cássio, Fernanda, & Pascoal, Cláudia. (2017). Environmental drivers are more important for structuring fungal decomposer communities than the geographic distance between streams. *Limnetica*, 36, 491–506.
- Fernandes, I., Pereira, A., Trabulo, J., Pascoal, C., Cássio, F., & Duarte, S. (2015). Microscopy- or DNA-based analyses: Which methodology gives a truer picture of stream-dwelling decomposer fungal diversity? *Fungal Ecology*, 18, 130–134.
- Frainer, A., Bruder, A., Colas, F., Ferreira, V., & McKie, B. G. (2021). Plant litter decomposition as a tool for stream ecosystem assessment. In C. M. Swan, L. Boyero, & C. Canhoto (A c. Di), *The Ecology of Plant Litter Decomposition in Stream Ecosystems* (pagg. 483–509). Springer International.
- Franco-Duarte, R., Fernandes, I., Gulis, V., Cássio, F., & Pascoal, C. (2022). ITS rDNA barcodes clarify molecular diversity of aquatic hyphomycetes. *Microorganisms*, 10(8), 1569.
- Gessner, M. O. (2020). Ergosterol as a measure of fungal biomass. In F. Bärlocher, M. O. Gessner, & M. A. S. Graça (eds.), *Methods to Study Litter Decomposition: A Practical Guide* (pagg. 247–255). Springer International Publishing.
- Gessner, M. O., & Chauvet, E. (1993). Ergosterol-to-biomass conversion factors for aquatic hyphomycetes. *Applied and Environmental Microbiology*, 59(2), 502–507.
- Gessner, M. O., & Chauvet, E. (1994). Importance of stream microfungi in controlling breakdown rates of leaf litter. *Ecology*, 75(6), 1807–1817.
- Grami, B., Rasconi, S., Niquil, N., Jobard, M., Saint-Béat, B., & Sime-Ngando, T. (2011). Functional Effects of Parasites on Food Web Properties during the Spring Diatom Bloom in Lake Pavin: A Linear Inverse Modeling Analysis. *PLOS ONE*, 6(8), e23273.
- Grossart, H.-P., & Rojas-Jimenez, K. (2016). Aquatic fungi: Targeting the forgotten in microbial ecology. *Current Opinion in Microbiology*, 31, 140–145.
- Harrison, J. B., Sunday, J. M. & Rogers, S. M. (2019) Predicting the fate of eDNA in the environment and implications for studying biodiversity. *Proceedings of the Royal Society B*. 286(1915).
- Istituto di microbiologia (IM-SUPSI) (2022). Fungal communities in aquatic and riparian habitats of the Bolle di Magadino. Fondazione Bolle di Magadino. 28pp.
- Istituto scienze della Terra (IST-SUPSI) (2021). Ricerche sull'evoluzione del Lago di Lugano. Aspetti limnologici. Programma triennale 2019-2021. Campagna 2020. Commissione Internazionale per la Protezione delle Acque Italo-Svizzere (Ed.); 60 pp.

- Ittner, L. D., Junghans, M., & Werner, I. (2018). Aquatic Fungi: A Disregarded Trophic Level in Ecological Risk Assessment of Organic Fungicides. *Frontiers in Environmental Science*, 6.
- Jobard, M., Rasconi, S., & Sime-Ngando, T. (2010). Diversity and functions of microscopic fungi: A missing component in pelagic food webs. *Aquatic Sciences*, 72(3), 255–268.
- Komínková, D., Kuehn, K., Büsing, N., Steiner, D., & Gessner, M. (2000). Microbial biomass, growth, and respiration associated with submerged litter of *Phragmites australis* decomposing in a littoral reed stand of a large lake. *Aquatic Microbial Ecology*, 22, 271–282.
- Krauss, G.-J., Solé, M., Krauss, G., Schlosser, D., Wesenberg, D., & Bärlocher, F. (2011). Fungi in freshwaters: Ecology, physiology and biochemical potential. *FEMS Microbiology Reviews*, 35(4), 620–651.
- Lecerf, A., & Chauvet, E. (2008). Diversity and functions of leaf-decaying fungi in human-altered streams. *Freshwater Biology*, 53(8), 1658–1672.
- Li, P.-D., Jeewon, R., Aruna, B., Li, H.-Y., Lin, F.-C., & Wang, H.-K. (2019). Metabarcoding reveals differences in fungal communities between unflooded versus tidal flat soil in coastal saline ecosystem. *Science of The Total Environment*, 690, 911–922.
- Laboratorio di microbiologia applicata (LMA-SUPSI) (2021) Valutazione dell'inquinamento da microplastiche nelle rive del Lago Ceresio. Programma triennale 2019-2021. Commissione Internazionale per la Protezione delle Acque Italo-Svizzere (Ed.); 80 pp.
- Marks, J. C. (2019). Revisiting the fates of dead leaves that fall into streams. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 50(1), 547–568.
- Matsui, K., Honjo, M., & Kawabata, Z. (2001). Estimation of the fate of dissolved DNA in thermally stratified lake water from the stability of exogenous plasmid DNA. *Aquatic Microbial Ecology*, 26(1), 95–102.
- Osono T. (2007) Ecology of ligninolytic fungi associated with leaf litter decomposition. *Ecological Research*, 22(6), 955-974.
- Paltrinieri, L., & Jann, B. (2012). Ecomorfologia rive delle acque comuni Lago Ceresio—Programma quinquennale 2008—2012 (Rapporto finale). CIP AIS - Commissione Internazionale per la protezione delle acque italo-svizzere per la protezione delle acque italo-svizzere.
- Pascoal, C., Cassio, F. & Marvanová, L. (2005). Anthropogenic stress may affect aquatic hyphomycete diversity more than leaf decomposition in a low-order stream. *Archiv für Hydrobiologie*, 162(4), 481–496.
- Peršoh, D. (2015). Plant-associated fungal communities in the light of meta'omics. *Fungal Diversity*, 75(1), 1–25.
- Pingram, M. A., Clapcott, J. E., Hamer, M. P., Atalah, J., & Özkundakci, D. (2020). Exploring temporal and spatial variation in cotton tensile-strength loss to assess the ecosystem health of non-wadeable rivers. *Ecological Indicators*, 108, 105773.
- Ramón-Laca, A., Soriano, L., Gleeson, D., & Godoy, J. A. (2015). A simple and effective method for obtaining mammal DNA from faeces. *Wildlife Biology*, 21(4), 195–203.
- Rosset, J., & Bärlocher, F. (1985). Aquatic hyphomycetes: Influence of pH, Ca²⁺ and HCO₃⁻ on growth in vitro. *Transactions of the British Mycological Society*, 84(1), 137–145.
- Shearer, C. A., Descals, E., Kohlmeyer, B., Kohlmeyer, J., Marvanová, L., Padgett, D., Porter, D., Raja, H. A., Schmit, J. P., Thorton, H. A., & Voglymayr, H. (2007). Fungal biodiversity in aquatic habitats. *Biodiversity and Conservation*, 16(1), 49–67.
- Tiegs, S. D., Clapcott, J. E., Griffiths, N. A., & Boulton, A. J. (2013). A standardized cotton-strip assay for measuring organic-matter decomposition in streams. *Ecological Indicators*, 32, 131–139.
- Toju, H., Tanabe, A. S., Yamamoto, S., & Sato, H. (2012). High-Coverage ITS Primers for the DNA-Based Identification of Ascomycetes and Basidiomycetes in Environmental Samples. *PLOS ONE*, 7(7), e40863.
- Truchy, A., Sarremejane, R., Muotka, T., Mykrä, H., Angeler, D. G., Lehosmaa, K., Huusko, A., Johnson, R. K., Sponseller, R. A., & McKie, B. G. (2020). Habitat patchiness, ecological connectivity and the uneven recovery of boreal stream ecosystems from an experimental drought. *Global Change Biology*, 26(6), 3455–3472.
- Wurzbacher, C., Bärlocher, F., & Grossart, H. (2010). Fungi in lake ecosystems. *Aquatic Microbial Ecology*, 59, 125–149.
- Wurzbacher, C., Warthmann, N., Bourne, E., Attermeyer, K., Allgaier, M., Powell, J. R., Detering, H., Mbedi, S., Grossart, H.-P., & Monaghan, M. (2016). High habitat-specificity in fungal communities in oligo-mesotrophic, temperate Lake Stechlin (North-East Germany). *MycKeys*, 16, 17–44.

6 Ringraziamenti

Si ringrazia Dr. Sandro Peduzzi dell'Ufficio dei corsi d'acqua (UCA) del Dipartimento del territorio dell'amministrazione cantonale ticinese per la collaborazione e i preziosi suggerimenti durante tutto il progetto. Ringraziamo la CIP AIS per il finanziamento del progetto. Siamo inoltre grati ai vari esperti esterni che hanno fornito preziosi contributi nel corso di numerose discussioni e alla Signora Annamaria Lanfranco per i suoi suggerimenti durante la revisione del rapporto.

7 Appendici

7.1 Panoramica dei periodi di incubazione

Tabella A1: Descrizione dei campionamenti. Numero di bande di cotone per campionamento: Camp. 0 = 6, Camp. 1 = 12, Camp. 2 = 12, Camp. 3 = 6) e tipologia del substrato (b=bagnato, f=fangoso, a=asciutto).

Sito	Camp.	Habitat	Data di inizio	Data di fine	Giorni	Substrato
1	0	Acquatico	11.11.2020	11.01.2021	61	b
	1	Acquatico	11.01.2021	23.02.2021	43	f
	2	Acquatico	11.01.2021	24.03.2021	72	f
	3	Terrestre	11.11.2020	24.03.2021	133	a
2	0	Acquatico	11.11.2020	11.01.2021	61	b
	1	Acquatico	11.01.2021	23.02.2021	43	b
	2	Acquatico	11.01.2021	24.03.2021	72	b
	3	Terrestre	11.11.2020	24.03.2021	133	a
3	0	Acquatico	13.11.2020	13.01.2021	61	b
	1	Acquatico	13.01.2021	23.02.2021	41	b
	2	Acquatico	13.01.2021	24.03.2021	70	b
	3	Terrestre	13.11.2020	24.03.2021	131	a
4	0	Acquatico	13.11.2020	13.01.2021	61	b
	1	Acquatico	13.01.2021	23.02.2021	41	a
	2	Acquatico	13.01.2021	24.03.2021	70	a
	3	Terrestre	13.11.2020	24.03.2021	131	a
5	0	Acquatico	13.11.2020	11.01.2021	59	b
	1	Acquatico	11.01.2021	25.02.2021	45	a
	2	Acquatico	11.01.2021	22.03.2021	70	b
	3	Terrestre	13.11.2020	22.03.2021	129	a
6	0	Acquatico	16.11.2020	14.01.2021	59	b
	1	Acquatico	14.01.2021	25.02.2021	42	a
	2	Acquatico	14.01.2021	22.03.2021	67	a
	3	Terrestre	16.11.2020	22.03.2021	126	a
7	0	Acquatico	16.11.2020	14.01.2021	59	b
	1	Acquatico	14.01.2021	24.02.2021	41	b
	2	Acquatico	14.01.2021	23.03.2021	68	b
	3	Terrestre	16.11.2020	23.03.2021	127	a
8	0	Acquatico	18.11.2020	14.01.2021	57	b
	1	Acquatico	14.01.2021	24.02.2021	41	b
	2	Acquatico	14.01.2021	23.03.2021	68	b
	3	Terrestre	18.11.2020	23.03.2021	125	a
9	0	Acquatico	18.11.2020	13.01.2021	56	b
	1	Acquatico	13.01.2021	24.02.2021	42	b
	2	Acquatico	13.01.2021	23.03.2021	69	a
	3	Terrestre	18.11.2020	23.03.2021	125	a

7.2 Resistenza alla trazione

Tabella A2: Tabella riassuntiva dei valori della resistenza alla trazione del primo campionamento. DD: temperatura giornaliera (temperatura sopra lo zero), TS: resistenza alla trazione (in Newton), TSL pD: perdita di resistenza alla trazione giornaliera (in Newton), TSL %: perdita di resistenza alla trazione totale (in percentuale), TSL DD %: perdita di resistenza alla trazione giornaliera (in percentuale).

Posizione	Giorni	DD	TS	TSL pD	TSL %	TSL DD %
1	43	297.3	11.5	6.7	96.1	0.32
2	43	303.7	134.6	3.8	55.0	0.18
3	41	278.6	129.6	4.1	56.7	0.20
4	41	287.5	77.9	5.4	73.9	0.26
5	45	316.8	78.7	4.9	73.7	0.23
6	42	274.6	82.1	5.2	72.5	0.26
7	41	286.4	108.0	4.7	63.9	0.22
8	41	289.0	80.3	5.3	73.1	0.25
9	42	303.8	118.5	4.3	60.4	0.20
Rif	0	0.0	299.0			

7.3 Numero di specie e indici di diversità per sito

Tabella A3: Numero di specie e indici di diversità (Shannon, Simpson, Simpson inverso) per ogni sito. Sito A: bande di cotone provenienti dalla zona acquatica, sito T: bande di cotone provenienti dalla zona terrestre.

Sito	Numero di specie	Shannon	Simpson	Simpson inverso
1A	22	2.4	0.8	6.2
1T	44	1.8	0.7	3.1
2A	45	2.6	0.9	8.4
2T	87	1.3	0.5	2.1
3A	90	2.8	0.9	7.5
3T	113	1.7	0.6	2.8
4A	14	1.3	0.6	2.2
4T	174	2.7	0.8	6.0
5A	17	0.7	0.2	1.3
5T	73	2.2	0.8	5.9
6A	114	2.2	0.8	4.6
6T	84	2.1	0.8	4.2
7A	11	1.0	0.4	1.7
7T	130	2.3	0.7	3.7
8A	17	1.1	0.6	2.5
8T	47	1.5	0.7	3.1
9A	4	0.9	0.4	1.8
9T	80	1.8	0.7	2.9

7.4 Stima del numero di specie identificate per sforzi di campionamento maggiori

La curva di rarefazione (Figura A1) mostra che il campionamento in nove siti non ha coperto l'intero spettro di specie. A seconda del modello di calcolo utilizzato, ci si dovrebbe aspettare l'osservazione di un totale di 104-404 specie aggiuntive. Queste stime sono confermate dagli indicatori presentati nella Tabella A4.

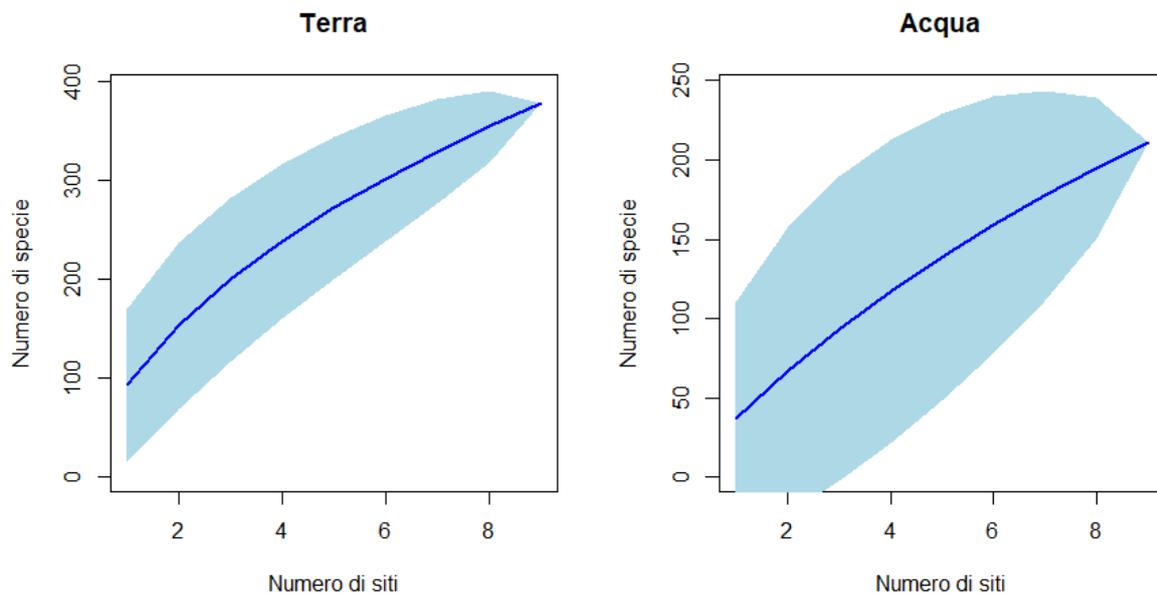


Figura A1: La curva di rarefazione mostra che non è stato possibile identificare l'intero spettro delle specie sulla base dei 18 siti. Il numero massimo di specie secondo: Chao = 860; Jack1 = 728; Jack2 = 888; Boot = 588.

Tabella A4: Stima del numero di specie con un set di dati più grande: specie (specie effettivamente osservate), Chao, Jack e Boot indicano i modelli di calcolo e il numero previsto di specie con uno sforzo di campionamento maggiore.

Specie	Chao	Chao.se	Jack1	Jack1.se	Jack2	Boot	Boot.se
378	702	64	566	84	688	459	41
211	448	56	341	78	427	266	42
483	860	65	728	86	888	588	45

7.5 Numero di sequenze per località

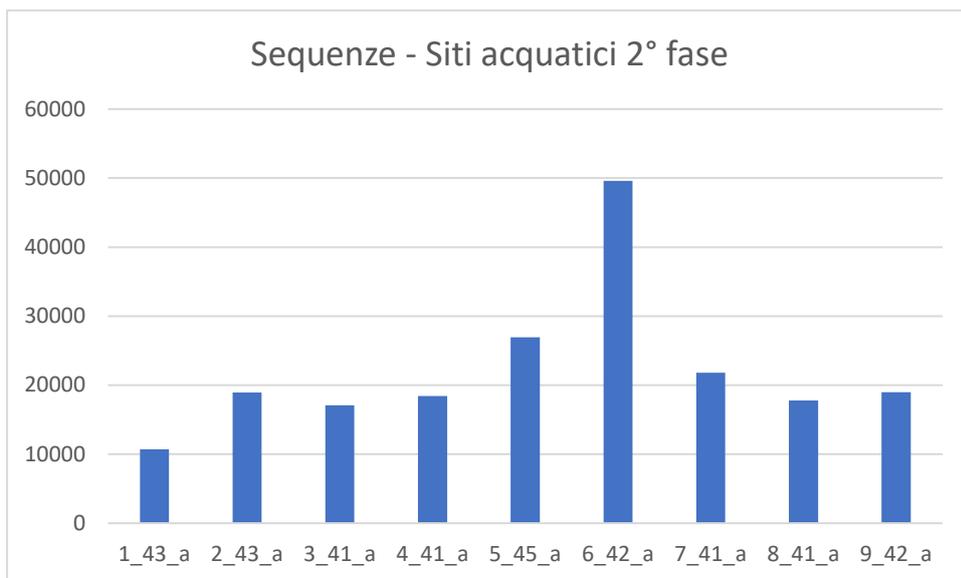
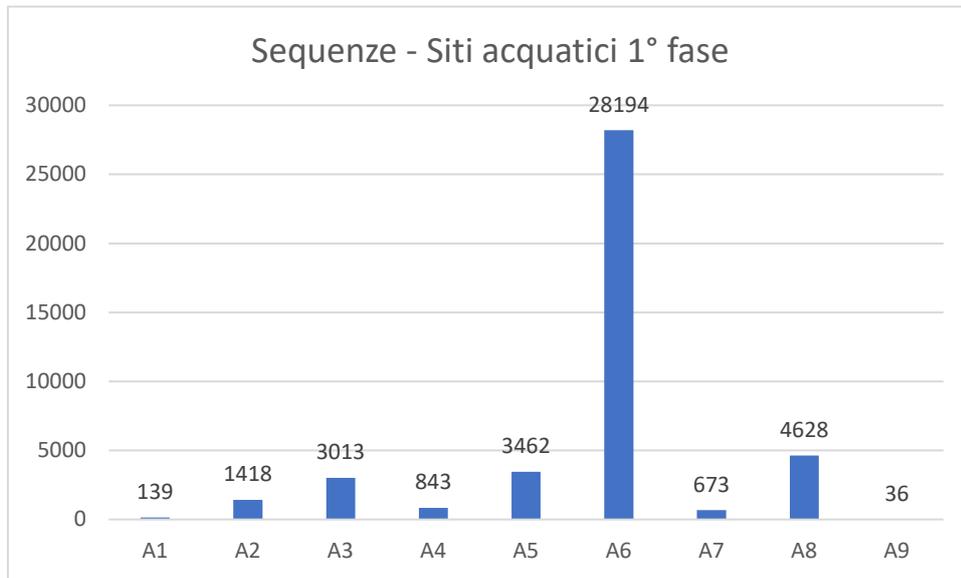


Figura A2: Numero di letture per i siti acquatici in ogni sito.

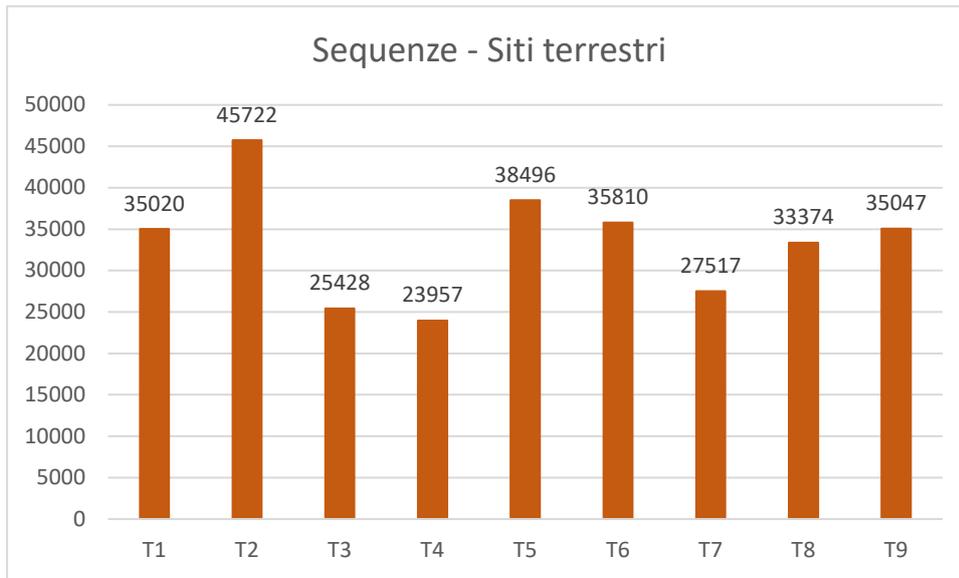


Figura A3: Numero di letture per i siti terrestri in ogni sito.

7.6 Similitudine delle comunità fungine basato sul metabarcoding

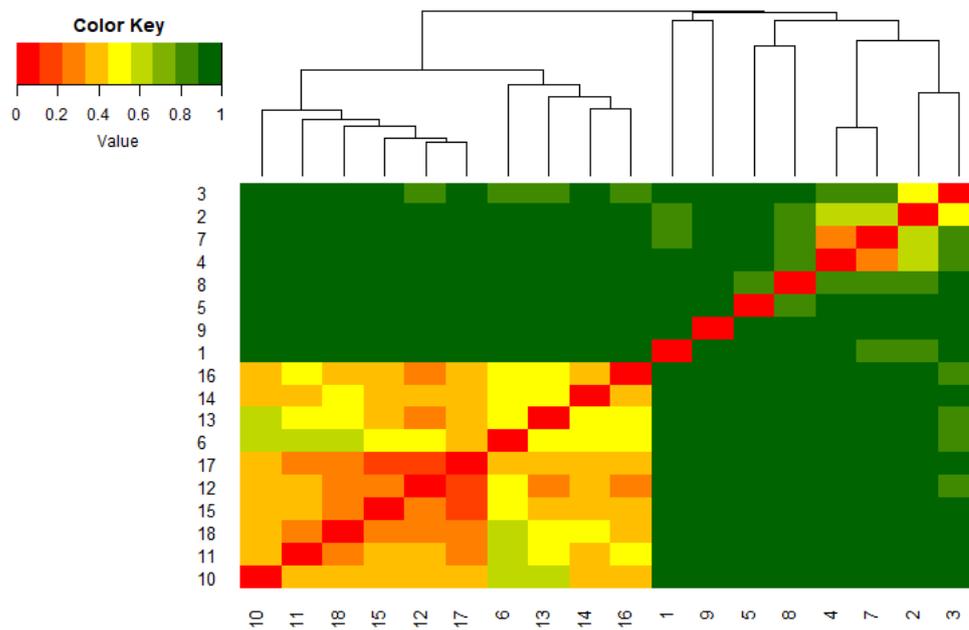


Figura A4: Campioni acquatici = 1 - 9; campioni terrestri = 10 - 18. Più il valore è vicino a 0 (rosso), più la composizione delle specie è simile. Più il valore è vicino a 1 (verde), più la composizione delle specie è diversa.

7.7 Lista completa delle specie rilevate

Tabella A5: Lista delle specie (e i livelli tassonomici superiori) identificate tramite il metabarcoding e i rispettivi numeri di sequenze rilevati nelle zone acquatiche (A) e terrestri (T) dei siti di studio (S1 – S9).

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Ascomycota	85	14163	1157	15150	2041	10565	613	14161	220	26107	20942	16452	568	11952	3873	15484	10	11284
Dothideomycetes	40	5945	443	13420	1379	9745	41	10395	88	14348	17150	12518	28	6768	39	14704	3	10380
Botryosphaeriales	5	32	40	28	11	0	10	800	0	101	16	13	15	81	0	142	0	56
Botryosphaeriaceae	5	32	40	14	11	0	10	524	0	101	16	0	15	0	0	142	0	56
<i>Botryosphaeria ramosa</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0
<i>Diplodia subglobosa</i>	0	22	5	0	0	0	0	162	0	8	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Neofusicoccum viticlavatum</i>	5	10	35	14	11	0	10	359	0	93	0	0	15	0	0	136	0	56
Capnodiales	0	0	0	0	6	25	0	58	0	0	33	0	0	4	0	0	0	53
<i>Capnodiales sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	0	0	0
<i>Capnodiales fam Incertae sedis</i>	0	0	0	0	6	12	0	47	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0
<i>Arthrocatena sp</i>	0	0	0	0	3	7	0	31	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0
<i>Arthrocatena tenebrio</i>	0	0	0	0	3	5	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cladosporiaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Verrucocladosporium dirinae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
Mycosphaerellaceae	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	53
<i>Mycosphaerella ulmi</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	53
<i>Mycosphaerellaceae sp</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudocercospora norchiensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Xenoramularia neerlandica</i>	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Teratosphaeriaceae	0	0	0	0	0	3	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Catenulostroma hermanusense</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neocatenulostroma abietis</i>	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Dothideales	0	215	117	4477	337	3508	0	3976	0	2825	2578	5590	0	1106	0	5301	0	4635
Aureobasidiaceae	0	215	114	4430	315	3504	0	3815	0	2745	2565	5584	0	1089	0	5231	0	4635
<i>Aureobasidium pullulans</i>	0	215	114	4430	315	3504	0	3815	0	2745	2565	5584	0	1089	0	5231	0	4635
Dothideaceae	0	0	3	5	22	0	0	70	0	0	13	0	0	0	0	58	0	0
<i>Endoconidioma populi</i>	0	0	3	5	22	0	0	70	0	0	13	0	0	0	0	58	0	0
Dothioraceae	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hormonema macrosporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Perusta inaequalis</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dothideales non identificato	0	0	0	42	0	4	0	85	0	80	0	6	0	17	0	12	0	0
Myriangiales	0	0	0	0	0	9	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Elsinoaceae	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Elsinoe salicina</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Myriangiales fam Incertae sedis	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Endosporium aviarium</i>	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mytilinidiales	0	0	0	0	9	0	0	74	0	0	30	0	0	0	0	0	0	0
Mytiliniaceae	0	0	0	0	9	0	0	74	0	0	30	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lophium sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lophium zalerioides</i>	0	0	0	0	9	0	0	29	0	0	30	0	0	0	0	0	0	0
Pleosporales	30	5698	268	8906	1012	6203	31	5393	88	11422	14482	6915	13	5573	39	9261	3	5592
Amorosiaceae	0	0	0	0	0	13	0	6	0	33	0	0	0	5	0	0	0	29
<i>Angustimassarina premilcurensis</i>	0	0	0	0	0	13	0	6	0	33	0	0	0	5	0	0	0	29
Biatrisporaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	0	0	0	0	0
<i>Biatrispora mackinnonii</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	0	0	0	0	0
Camarosporidiellaceae	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	29	8	0	0	0	4	0	0
<i>Camarosporidiella elaeagnicola</i>	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	29	8	0	0	0	4	0	0
Cucurbitariaceae	0	847	3	99	12	25	0	36	0	19	0	0	0	25	0	0	0	0
<i>Cucurbitariaceae sp</i>	0	7	0	43	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Neocucurbitaria acerina</i>	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neocucurbitaria juglandicola</i>	0	0	0	13	0	3	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Parafenestella mackenziei</i>	0	0	0	7	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pyrenochaeta sp</i>	0	840	0	12	0	4	0	32	0	19	0	0	0	25	0	0	0	0
<i>Pyrenochaetopsis leptospora</i>	0	0	3	16	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dictyosporiaceae	2	0	0	15	0	15	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dictyosporiaceae sp</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudocoleophoma poligonicola</i>	0	0	0	15	0	15	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Didymellaceae	21	1318	200	2693	502	2631	4	1885	59	5374	10728	3551	13	3192	0	6189	0	3523
<i>Didymella sp</i>	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Didymella viburnicola</i>	0	0	0	6	0	0	0	0	0	5	0	4	0	0	0	0	0	0
<i>Didymella vitalbina</i>	0	0	0	0	3	0	0	310	0	0	0	0	0	77	0	0	0	4
<i>Epicoccum proteae</i>	21	1318	200	2687	478	2622	4	1569	59	5347	10728	2952	13	3115	0	6177	0	3484
<i>Neosascochyta desmazieri</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	566	0	0	0	0	0	0
<i>Neosascochyta paspali</i>	0	0	0	0	21	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phoma sp</i>	0	0	0	0	0	4	0	3	0	14	0	29	0	0	0	12	0	35
Didymosphaeriaceae	0	10	3	25	0	18	0	873	11	63	177	13	0	1037	0	150	0	54
<i>Montagnula jonesii</i>	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	44	0	0	894	0	113	0	49
<i>Paraconiothyrium africanum</i>	0	10	3	25	0	4	0	845	0	22	93	0	0	65	0	37	0	5
<i>Paraphaeosphaeria angularis</i>	0	0	0	0	0	3	0	14	0	0	6	7	0	7	0	0	0	0
<i>Pseudopithomyces rosae</i>	0	0	0	0	0	11	0	7	11	41	0	6	0	71	0	0	0	0
<i>Spegazzinia tessarthra</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0	0	0	0	0	0
Fenestellaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0
<i>Fenestella subsymmetrica</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0
Lentitheciaceae	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lentithecium clioninum</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leptosphaeriaceae	0	0	0	156	74	0	0	17	0	52	84	0	0	188	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Ampelomyces quisqualis</i>	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Leptosphaeria rubefaciens</i>	0	0	0	120	5	0	0	13	0	25	0	0	0	8	0	0	0	0
<i>Leptosphaeriaceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Neoleptosphaeria jonesii</i>	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Paraleptosphaeria dryadis</i>	0	0	0	0	69	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Plenodomus enteroleucus</i>	0	0	0	30	0	0	0	0	0	0	84	0	0	174	0	0	0	0
Lindgomycetaceae	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hong Kongmyces thailandicus</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lophiostomataceae	0	0	0	0	4	0	0	0	0	11	14	0	0	5	0	0	0	7
<i>Lophiostoma cynaroidis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lophiostomataceae sp</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	14	0	0	5	0	0	0	7
Massariaceae	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Massaria anomia</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Massarinaceae	0	0	0	0	0	84	2	0	0	6	5	0	0	0	0	0	0	0
<i>Massarina sp</i>	0	0	0	0	0	84	2	0	0	6	5	0	0	0	0	0	0	0
Melanommataceae	0	0	0	0	0	0	0	20	0	10	0	0	0	5	0	0	0	0
<i>Herpotrichia parasitica</i>	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0
<i>Melanodiplodia tianschanica</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0
Periconiaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Periconia pseudodigitata</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Phaeosphaeriaceae	0	56	0	7	153	527	0	14	0	76	0	32	0	178	28	10	0	46
<i>Acericola italica</i>	0	0	0	0	3	213	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neosetophoma rosigena</i>	0	41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	70	0	0	0	16
<i>Phaeosphaeria lunariae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0
<i>Phaeosphaeria nardi</i>	0	0	0	0	105	12	0	0	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0
<i>Phaeosphaeria poagena</i>	0	0	0	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phaeosphaeria sp</i>	0	0	0	0	6	0	0	6	0	16	0	0	0	16	0	0	0	12

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Phaeosphaeriopsis glaucopunctata</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0
<i>Sclerostagonospora sp</i>	0	10	0	0	0	296	0	0	0	6	0	32	0	0	0	0	0	0
<i>Septoriella hubertusii</i>	0	0	0	0	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Setophaeosphaeria badalingensis</i>	0	5	0	7	0	6	0	5	0	44	0	0	0	72	28	0	0	18
<i>Wojnowiciella loniceriae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0
Pleosporaceae	0	3240	54	5852	138	2829	23	2309	14	5589	3366	3143	0	782	0	2896	3	1908
<i>Alternaria iridiaustralis</i>	0	3240	54	5852	135	2821	23	2309	14	5553	3332	3134	0	767	0	2896	0	630
<i>Alternaria metachromatica</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0
<i>Alternaria subcucurbitae</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Comoclathris lini</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	36	0	0	0	0	0	0	0	1278
<i>Curvularia spicifera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0	0	0	0	0	0
<i>Exserohilum turcicum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Stemphylium eturmiunum</i>	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	3	0
<i>Cryptocoryneum pseudorilstonei</i>	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pleosporales fam Incertae sedis sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0
<i>Pseudorobillarda phragmitis</i>	0	0	0	0	11	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sporormiaceae	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Preussia tenerifae</i>	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Teichosporaceae	0	0	0	0	0	0	2	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Teichospora rubriostiolata</i>	0	0	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Teichospora trabcicola</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Teichosporaceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thyridariaceae	0	17	0	0	3	0	0	0	0	0	10	0	0	19	3	0	0	0
<i>Parathyridaria rosae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tiridariaceae sp</i>	0	17	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	19	3	0	0	0
Torulaceae	0	80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Dendryphion europaeum</i>	0	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Torula masonii</i>	0	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Parapyrenochaeta acaciae</i>	0	0	0	0	0	5	0	33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pleosporales non identificato</i>	5	130	8	59	87	29	0	123	4	189	42	168	0	122	8	5	0	25
Tubeufiales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	4	0	0	0	0
Tubeufiaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Tubeufiaceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Dothideomyces sp</i>	2	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tubeufiales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0
Valsariales	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	39
Valsariaceae	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	39
<i>Valsaria insitiva</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	39
Venturiales	3	0	18	9	4	0	0	84	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Sympoventuriaceae	3	0	13	9	4	0	0	67	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
<i>Fusicladium proteae</i>	3	0	13	0	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudosigmoidea ibarakiensis</i>	0	0	0	9	0	0	0	43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
<i>Simpatia sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Venturiales sp	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Venturiaceae	0	0	5	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudoanungitea vaccinii</i>	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Venturia chlorospora</i>	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Venturiales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Eurotiomiceti	2	38	17	16	42	68	0	305	0	0	387	0	0	39	11	15	0	157
Chaetothyriales	0	0	8	16	23	68	0	230	0	0	265	0	0	34	4	15	0	157
<i>Neophaeococcomyces catenatus</i>	0	0	0	0	0	4	0	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sarcinomyces crustaceus</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cyphellophoraceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cyphellophora sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Herpotrichiellaceae	0	0	0	0	4	0	0	58	0	0	30	0	0	6	4	0	0	15
<i>Capronia sp</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
<i>Cladophialophora sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	6	0	0	0	15
<i>Exophiala sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	30	0	0	0	0	0	0	0
<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rhinocladiella sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Veronaea compacta</i>	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trichomeriaceae	0	0	0	10	19	24	0	63	0	0	175	0	0	28	0	8	0	117
<i>Bradomyces sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	97	0	0	0	0	0	0	0
<i>Trichomeriaceae sp</i>	0	0	0	10	19	24	0	63	0	0	78	0	0	28	0	8	0	117
<i>Chaetothyriales sp</i>	0	0	8	6	0	40	0	89	0	0	52	0	0	0	0	7	0	25
Eurotiales	2	0	9	0	19	0	0	72	0	0	107	0	0	5	7	0	0	0
Aspergillaceae	2	0	9	0	19	0	0	72	0	0	94	0	0	5	7	0	0	0
<i>Aspergillus costiformis</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	18	0	0	0	2	0	0	0
<i>Aspergillus fumigatus</i>	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Monascus purpureus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0
<i>Penicillium aethiopicum</i>	2	0	9	0	4	0	0	67	0	0	33	0	0	0	5	0	0	0
<i>Penicillium brevicompactum</i>	0	0	0	0	7	0	0	5	0	0	34	0	0	5	0	0	0	0
Trichocomaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0	0	0	0
<i>Talaromyces solicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thermomyces lanuginosus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
Onygenales	0	38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Chrysosporium submersum</i>	0	38	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phaeomonales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
Phaeomoniellaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phaeomoniellaceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
Phaeomonales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Verrucariales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0
Verrucariaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0
<i>Verrucaria sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0
Lecanoromiceti	0	0	0	10	0	0	0	58	0	0	0	7	0	4	0	0	0	0
Caliciales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Physciaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Physciella chloantha</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Candelariales	0	0	0	10	0	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Candelariaceae	0	0	0	10	0	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Candelaria concolor</i>	0	0	0	10	0	0	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lecanorales	0	0	0	0	0	0	0	18	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
Lecanoraceae	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
<i>Lecanora dispersa</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
<i>Lecanoraceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Parmeliaceae	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Parmelia sulcata</i>	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sarea sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lecanoromiceti non identificato	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leotiomyceti	31	6729	554	634	463	369	548	2133	88	11020	1597	2595	536	3067	3814	585	7	614
Helotiales	31	6729	554	625	463	256	548	1000	88	11015	1172	2540	523	2442	3807	57	7	495
Dermateaceae	0	13	19	355	3	21	0	49	0	105	38	357	0	72	0	19	0	239
<i>Calloria sp</i>	0	13	0	344	0	0	0	0	0	12	15	4	0	44	0	0	0	239
<i>Dermateaceae sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	36	0	0	18	38	0	22	0	0	0	0
<i>Neofabraea vagabunda</i>	0	0	0	11	0	21	0	13	0	93	0	0	0	6	0	19	0	0
<i>Oculimacula yallundae</i>	0	0	19	0	3	0	0	0	0	0	5	315	0	0	0	0	0	0
Helotiaceae	6	2934	34	44	61	111	0	168	0	5936	18	1369	0	413	0	38	0	53
<i>Anguillospora crassa</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Articulospora sp</i>	0	0	0	37	0	13	0	165	0	5496	18	1362	0	204	0	38	0	48
<i>Filospora annelidica</i>	6	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Fontanospora fusiramosa</i>	0	0	0	7	0	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Helicodendron triglitzense</i>	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hymenoscyphus caudatus</i>	0	1987	3	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	24	0	0	0	0
<i>Hymenoscyphus macroguttatus</i>	0	62	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hymenoscyphus sp</i>	0	885	0	0	7	34	0	0	0	435	0	7	0	37	0	0	0	0
<i>Hymenoscyphus tetracladius</i>	0	0	22	0	44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Infundichalara sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Micosimbioces sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
<i>Tetracladia sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	148	0	0	0	0
<i>Cadophora luteo-olivacea</i>	0	263	0	0	6	4	0	0	0	155	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Chalara cylindrosperma</i>	0	146	0	0	0	12	0	80	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
<i>Chalara sp</i>	0	0	0	0	0	6	0	11	0	15	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Davidhawksworthia ilicicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	23	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
<i>Kendrickiella phycomyces</i>	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Varicosporium sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hyaloscyphaceae	12	0	148	0	78	0	12	0	8	868	108	12	7	0	1232	0	0	0
<i>Bactrodesmium pallidum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	79	0	0	0	0	0	0	0
<i>Calycina sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hyaloscypha albohyalina var. spiralis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	230	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lemonniera centrosphaera</i>	0	0	143	0	78	0	12	0	8	0	24	0	7	0	1232	0	0	0
<i>Pseudaegerita corticalis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	638	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudaegerita sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0
<i>Tetrachaetum elegans</i>	12	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leotiaceae	10	0	324	22	261	15	536	136	76	238	623	95	516	196	2575	0	5	37
<i>Alatospora sp</i>	10	0	324	22	261	7	536	136	76	238	623	95	516	176	2575	0	5	37

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Flagellospora curvula</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0
<i>Neobulgaria pura</i>	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Rutstroemiaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	160	0	0	0	0
<i>Lanzia echinophila</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	160	0	0	0	0
Sclerotiniaceae	0	0	4	0	18	4	0	0	0	0	257	0	0	0	0	0	0	0
<i>Botryotinia polyblastis</i>	0	0	4	0	18	4	0	0	0	0	257	0	0	0	0	0	0	0
Helotiales non identificato	3	3373	25	195	33	83	0	533	0	3698	121	692	0	1601	0	0	2	166
Vibrisseaceae	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
<i>Phialocephala hiberna</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phialocephala sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
Phacidiales	0	0	0	0	0	57	0	1043	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0
Phacidiaceae	0	0	0	0	0	57	0	1043	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phacidium pseudophacidioides</i>	0	0	0	0	0	57	0	1043	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0
Thelebolales	0	0	0	9	0	56	0	90	0	5	413	55	13	625	7	528	0	119
Pseudeurotiaceae	0	0	0	9	0	56	0	90	0	5	320	55	0	10	7	528	0	119
<i>Pseudourotiaceae sp</i>	0	0	0	9	0	56	0	90	0	5	320	55	0	10	7	528	0	119
Thelebolaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	93	0	13	568	0	0	0	0
<i>Thelebolus globosus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	93	0	13	568	0	0	0	0
Thelebolales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	47	0	0	0	0
Orbiliomiceti	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
Orbiliales	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
Orbiliaceae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Orbilialia sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Orbilialia vinosa</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pezizomiceti	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pezizales	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sarcoscyphaceae	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Desmazierella acicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sordariomiceti	6	1309	22	427	64	191	2	628	0	293	1600	334	4	816	5	114	0	45
Chaetosphaeriales	0	35	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chaetosphaeriaceae	0	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Chloridium aseptatum</i>	0	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dendrophoma cytisporoides</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Coniochaetales	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Coniochaetales non identificato	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Diaporthales	0	0	0	40	7	8	0	98	0	0	696	5	0	10	0	0	0	5
Diaporthaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50	0	0	0	0	0	0	0
<i>Diaporthe cynaroidis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50	0	0	0	0	0	0	0
Gnomoniaceae	0	0	0	24	0	0	0	3	0	0	0	5	0	10	0	0	0	0
<i>Gnomoniopsis idaeicola</i>	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0
<i>Plagiostoma aesculi</i>	0	0	0	17	0	0	0	3	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0
Sydowiellaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hapalocystis berkeleyi</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	0	0	0	0	0	0
Diaporthales non identificato	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Valsaceae	0	0	0	16	7	3	0	95	0	0	609	0	0	0	0	0	0	5
<i>Cytospora acaciae</i>	0	0	0	0	0	0	0	74	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cytospora fraxinigena</i>	0	0	0	0	0	0	0	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Valsaceae sp	0	0	0	16	7	3	0	0	0	0	609	0	0	0	0	0	0	0
Glomerellales	0	0	4	0	7	4	0	3	0	22	18	0	0	14	0	0	0	0
Glomerellaceae	0	0	0	0	3	0	0	3	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0
<i>Colletotrichum cairnsense</i>	0	0	0	0	3	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0
Plectosphaerellaceae	0	0	4	0	4	0	0	0	0	0	7	0	0	14	0	0	0	0
<i>Cephalosporium sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Chordomyces antarcticus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Plectosphaerella niemeijerum</i>	0	0	4	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Reticulascaceae	0	0	0	0	0	4	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Reticulascus clavatus</i>	0	0	0	0	0	4	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	0	0
Hypocreales	6	414	7	387	19	82	2	166	0	271	816	319	4	504	5	0	0	26
Clavicipitaceae	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0
<i>Metarhizium anisopliae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0
<i>Metarhizium sp</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hypocreaceae	0	0	0	7	0	0	0	6	0	0	0	0	4	5	0	0	0	0
<i>Trichoderma hamatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
<i>Trichoderma lixii</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0
<i>Trichoderma tawa</i>	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sarocladium bactrocephalum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
Hypocreales fam Incertae sedis sp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	19
Nectriaceae	6	414	7	380	15	82	2	126	0	271	795	319	0	470	2	0	0	7
<i>Chaetopsina fulva</i>	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cylindrodendrum hubeiense</i>	0	83	3	11	4	28	0	3	0	25	733	0	0	16	0	0	0	0
<i>Fusarium sp</i>	0	11	0	22	0	0	0	0	0	0	22	0	0	34	0	0	0	0
<i>Fusicolla aquaeductuum</i>	2	0	0	0	5	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Microcera rubra</i>	0	0	0	0	0	0	2	85	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nectria balansae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nectriaceae sp</i>	2	320	4	347	6	54	0	32	0	239	24	319	0	420	2	0	0	7
<i>Pleonectria ilicicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudocosmospora vilior</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ophiocordycipitaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tolypocladium sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
Stachybotryaceae	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0	0	0	0	14	3	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Alfaria caricicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0
<i>Melanopsamma pomiformis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0
Hypocreales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Magnaporthales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	146	0	4	0	0
Magnaporthaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	146	0	4	0	0
<i>Mycoleptodiscus sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	146	0	4	0	0
Halosphaeriaceae	0	46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	41	0	0	0	0
<i>Halosphaeriaceae sp</i>	0	46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	41	0	0	0	0
Sordariales	0	11	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lasiosphaeriaceae	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Apodus deciduus</i>	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cercophora sp</i>	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Oncopodiella sp</i>	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sordariales non identificato	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Togniniales	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Togniniaceae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phaeocremonium croatiense</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xylariales	0	803	3	0	22	94	0	358	0	0	70	10	0	101	0	110	0	14
Amphisphaeriaceae	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Seimatosporium rosicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Apiosporaceae	0	0	0	0	15	19	0	0	0	0	32	0	0	0	0	0	0	0
<i>Arthrinium jiangxiense</i>	0	0	0	0	15	19	0	0	0	0	27	0	0	0	0	0	0	0
<i>Arthrinium rasikravindrae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
Bartaliniaceae	0	0	0	0	3	0	0	10	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Bartalinia robillardoides</i>	0	0	0	0	3	0	0	10	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
Microdochiaceae	0	790	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	25	0	0	0	0
<i>Idriella sp</i>	0	790	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Microdochium colombiense</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
Sporocadaceae	0	5	3	0	0	75	0	190	0	0	15	6	0	58	0	110	0	0
<i>Discosia pseudoartocreas</i>	0	5	0	0	0	75	0	190	0	0	0	6	0	58	0	110	0	0
<i>Pestalotiopsis rosea</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	0	0	0
<i>Seiridium ceratosporum</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Xylariaceae	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	5	0	0	18	0	0	0	0
<i>Biscogniauxia anceps</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Hypoxylon carneum</i>	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0
<i>Muscodor fengyangensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
Xylariaceae non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0
Xylariales non identificato	0	8	0	0	4	0	0	132	0	0	11	0	0	0	0	0	0	14
Ascomycota non identificato	6	142	121	643	93	189	22	623	44	446	208	998	0	1252	4	66	0	88
Basidiomycota	48	19066	217	30529	915	14675	0	9648	14	12259	7241	19254	59	15494	4	17816	0	23148
Agaricomyceti	48	19020	206	30311	892	14176	0	8469	14	11839	6679	15757	59	14665	0	16877	0	19402
Agaricales	0	0	0	30	0	33	0	37	0	0	39	0	0	17	0	0	0	0
Agaricaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tulostoma fimbriatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
Cortinariaceae	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cortinarius sodagnitus</i>	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hymenogastraceae	0	0	0	0	0	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lebeloma eburneum</i>	0	0	0	0	0	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lycoperdaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
<i>Licoperdon pyriforme</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
Physalacriaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cylindrobasidium evolvens</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0
Psathyrellaceae	0	0	0	11	0	6	0	6	0	0	15	0	0	11	0	0	0	0
<i>Coprinellus micaceus</i>	0	0	0	11	0	6	0	6	0	0	15	0	0	11	0	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Strophariaceae	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Hypholoma fasciculare</i>	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Hypholoma lateritium</i>	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Typhulaceae	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tygervalleyomyces podocarpi</i>	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Agaricales non identificato	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Atheliales	48	19020	206	30234	868	14132	0	8403	14	11825	6241	15757	59	13728	0	16877	0	19396
Atheliaceae	48	19020	206	30234	868	14132	0	8403	14	11825	6241	15757	59	13728	0	16877	0	19396
<i>Athelia decipiens</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tylospora sp</i>	48	19020	206	30234	868	14132	0	8403	14	11825	6236	15757	59	13728	0	16877	0	19396
Cantharellales	0	0	0	0	0	3	0	23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sistotrema sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ceratobasidiaceae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ceratobasidiaceae non identificato	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cantharellales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Corticiales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	79	0	0	0	0
Corticaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	79	0	0	0	0
Corticaceae non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	79	0	0	0	0
Polyporales	0	0	0	24	21	8	0	6	0	14	384	0	0	759	0	0	0	0
Meruliaceae	0	0	0	0	3	0	0	0	0	14	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Merulius tremellosus</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Phlebia tuberculata</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	4	0	0	0	0
Phanerochaetaceae	0	0	0	7	5	3	0	0	0	0	61	0	0	158	0	0	0	0
<i>Bjerkandera adusta</i>	0	0	0	7	5	3	0	0	0	0	61	0	0	158	0	0	0	0
Polyporaceae	0	0	0	17	13	5	0	6	0	0	323	0	0	597	0	0	0	0
<i>Trametes versicolor</i>	0	0	0	17	13	5	0	6	0	0	323	0	0	597	0	0	0	0
Russulales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	7	0	0	0	6

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (f)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Stereaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
<i>Stereum hirsutum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
Russulales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	6
Sebacinales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	57	0	0	0	0
Sebacinaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	57	0	0	0	0
<i>Efibulobasidium sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	57	0	0	0	0
Thelephorales	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thelephoraceae	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tomentella sp</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Agaricomyceti non identificato	0	0	0	23	0	0	0	0	0	0	5	0	0	18	0	0	0	0
Agaricostilbomiceti	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	16	0	0	0	0	10	0	35
Agaricostilbales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	10	0	35
Kondoaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	10	0	35
<i>Bensingtonia pseudonaganoensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	31
<i>Kondoa sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
<i>Kondoa yuccicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	10	0	0
Agaricostilbomiceti non identificato	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0
Cystobasidiomycetes	0	23	0	20	7	21	0	62	0	0	0	31	0	37	0	368	0	32
Cystobasidiales	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0
Cystobasidiaceae	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0
<i>Cystobasidium pinicola</i>	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0
Buckleyzymaceae	0	0	0	14	7	14	0	46	0	0	0	11	0	31	0	256	0	12
<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	0	0	0	14	7	14	0	46	0	0	0	11	0	31	0	247	0	12
<i>Buckleyzyma salicina</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0
Symmetrosporaceae	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	4	0	5
<i>Symmetrospora coprosmae</i>	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	5
<i>Simmetrospora sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Erythrobasidiales	0	0	0	6	0	7	0	16	0	0	0	0	0	6	0	108	0	15
Erythrobasidiaceae	0	0	0	6	0	7	0	16	0	0	0	0	0	6	0	108	0	15
<i>Erythrobasidium hasegawianum</i>	0	0	0	6	0	7	0	16	0	0	0	0	0	6	0	108	0	15
Exobasidiomiceti	0	0	0	20	6	18	0	28	0	0	17	18	0	11	0	63	0	0
Entylomatales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18	0	0	0	0	0	0
Entylomatales non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18	0	0	0	0	0	0
Exobasidiales	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Exobasidiaceae	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Exobasidium sp</i>	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Microstromatales	0	0	0	15	6	18	0	28	0	0	17	0	0	11	0	63	0	0
Microstromataceae	0	0	0	0	0	3	0	6	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0
<i>Microstroma bacarum</i>	0	0	0	0	0	3	0	6	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0
<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	0	0	0	15	6	15	0	22	0	0	17	0	0	11	0	55	0	0
Microbotryomycetes	0	0	0	65	0	284	0	515	0	25	70	2354	0	544	0	29	0	143
Kriegeriales	0	0	0	6	0	0	0	3	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Kriegeriaceae	0	0	0	6	0	0	0	3	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Yamadamyces rosulatus</i>	0	0	0	6	0	0	0	3	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Leucosporidiales	0	0	0	12	0	12	0	7	0	7	53	1764	0	41	0	8	0	16
Leucosporidiaceae	0	0	0	12	0	12	0	7	0	7	53	1764	0	41	0	8	0	16
<i>Leucosporidiacee sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	29	0	0	0	0	0	0
<i>Leucosporidium fellii</i>	0	0	0	12	0	12	0	3	0	0	36	28	0	41	0	8	0	0
<i>Leucosporidium golubevii</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	12	1703	0	0	0	0	0	16
<i>Leucosporidium intermedium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	4	0	0	0	0	0	0
<i>Leucosporidium muscorum</i>	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Microbotryales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
Ustilentylomataceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0
<i>Ustilentyloma graminis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Chryzomycetaceae	0	0	0	8	0	11	0	105	0	0	0	7	0	19	0	0	0	0
<i>Fellocyba inositophila</i>	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0	0	7	0	9	0	0	0	0
<i>Oberwinklerozyma silvestris</i>	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Oberwinklerozyma straminea</i>	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Oberwinklerozyma yarrowii</i>	0	0	0	0	0	0	0	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Yurkovia mendeliana</i>	0	0	0	8	0	11	0	12	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	0	0	0	18	0	143	0	180	0	0	0	33	0	357	0	7	0	7
Sporidiobolales	0	0	0	21	0	118	0	220	0	18	17	529	0	123	0	14	0	120
Sporidiobolaceae	0	0	0	21	0	118	0	220	0	18	17	529	0	123	0	14	0	120
<i>Rhodosporeobolus colostri</i>	0	0	0	16	0	103	0	53	0	0	5	178	0	91	0	7	0	86
<i>Rhodotorula glutinis</i>	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0
<i>Rhodotorula sp</i>	0	0	0	0	0	3	0	18	0	18	0	0	0	5	0	0	0	4
<i>Sporidiobolaceae sp</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	24
<i>Sporobolomyces phaffii</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
<i>Sporobolomyces sp</i>	0	0	0	5	0	3	0	149	0	0	12	341	0	27	0	7	0	6
Microbotryomycetes non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0
Tremellomiceti	0	23	11	97	10	176	0	570	0	395	459	1090	0	237	4	469	0	3528
Cystofilobasidiales	0	0	3	0	4	57	0	18	0	28	330	86	0	17	0	0	0	1268
Cystofilobasidiaceae	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	41	0	8	0	0	0	0
<i>Cystofilobasidium capitatum</i>	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	15	0	8	0	0	0	0
<i>Cystofilobasidium macerans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26	0	0	0	0	0	0
Mrakiaceae	0	0	3	0	4	53	0	18	0	28	330	45	0	9	0	0	0	1268
<i>Itersonilia pannonica</i>	0	0	0	0	0	9	0	0	0	15	0	45	0	9	0	0	0	342
<i>Krasilnikovozyma huempfi</i>	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Krasilnikovozyma sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mrakia niccombsii</i>	0	0	3	0	0	33	0	10	0	13	63	0	0	0	0	0	0	919
<i>Tausonia pullulans</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	98	0	0	0	0	0	0	0

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
<i>Udeniomyces kanasensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7
<i>Udeniomyces pyricola</i>	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	169	0	0	0	0	0	0	0
Filobasidiales	0	0	0	37	0	80	0	387	0	5	73	608	0	147	0	370	0	2001
Filobasidiaceae	0	0	0	37	0	65	0	10	0	5	73	536	0	72	0	370	0	2001
<i>Filobasidium oeirense</i>	0	0	0	8	0	5	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	101
<i>Filobasidium stepposum</i>	0	0	0	9	0	55	0	3	0	5	23	196	0	18	0	22	0	1894
<i>Filobasidium wieringae</i>	0	0	0	20	0	5	0	7	0	0	50	116	0	4	0	348	0	6
<i>Heterocephalacria arrabidensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	50	0	0	0	0
<i>Naganishia vaughanmartinae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	209	0	0	0	0	0	0
Piskurozymaceae	0	0	0	0	0	15	0	377	0	0	0	72	0	75	0	0	0	0
<i>Piskurozyma cylindrica</i>	0	0	0	0	0	0	0	327	0	0	0	10	0	30	0	0	0	0
<i>Piskurozyma silvicola</i>	0	0	0	0	0	9	0	16	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0
<i>Piskurozyma sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0	0	28	0	22	0	0	0	0
<i>Piskurozyma taiwanensis</i>	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	34	0	17	0	0	0	0
Holtermanniales	0	23	0	6	0	18	0	5	0	7	56	368	0	9	0	0	0	36
<i>Holtermanniella festucosa</i>	0	23	0	6	0	18	0	5	0	7	56	368	0	9	0	0	0	36
Tremellales	0	0	0	54	3	18	0	160	0	355	0	14	0	58	4	99	0	167
Bulleribasidiaceae	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	17
<i>Vishniacozyma globispora</i>	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	17
Cryptococcaceae	0	0	0	0	3	0	0	3	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
<i>Kwoniella pini</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Kwoniella sp</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0
Rhynchogastremataceae	0	0	0	25	0	7	0	59	0	350	0	4	0	13	0	0	0	0
<i>Papiliotrema flavescens</i>	0	0	0	25	0	7	0	59	0	350	0	4	0	13	0	0	0	0
Tremellaceae	0	0	0	0	0	4	0	55	0	5	0	10	0	0	0	24	0	144
<i>Bulleromyces albus</i>	0	0	0	0	0	4	0	0	0	5	0	5	0	0	0	0	0	10
<i>Cryptococcus sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	55	0	0	0	5	0	0	0	24	0	134

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Tremellales non identificato	0	0	0	23	0	7	0	43	0	0	0	0	0	45	0	70	0	6
Trichosporonales	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trichosporonaceae	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Apiotrichum laibachii</i>	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cutaneotrichosporon sp</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tremellomiceti non identificato	0	0	0	0	3	3	0	0	0	0	0	14	0	6	0	0	0	56
Ustilaginomiceti	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
Ustilaginales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
Ustilaginaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
<i>Farysia setubalensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0
Basidiomycota non identificato	0	0	0	6	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8
Chytridiomycota	6	1681	23	0	34	0	230	4	223	0	11	0	36	0	10	0	0	6
Chytridiomycetes	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	32	0	0	0	0	0
Chytridiales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	32	0	0	0	0	0
Chytriomycetaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	32	0	0	0	0	0
<i>Chytriomycetes hyalinus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	32	0	0	0	0	0
Lobulomiceti	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
Lobulomicetales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
Lobulomycetaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
<i>Lobulomyces angularis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
Rizophydiomycetes	4	0	23	0	34	0	212	0	39	0	0	0	0	0	4	0	0	0
Rhizophydiales	4	0	23	0	34	0	212	0	39	0	0	0	0	0	4	0	0	0
Halomycetaceae	2	0	6	0	0	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Paludomyces mangrovei</i>	2	0	6	0	0	0	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Coralloidiomyces digitatus</i>	2	0	5	0	21	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Rhizophydiales non identificato	0	0	12	0	13	0	187	0	34	0	0	0	0	0	4	0	0	0
Spicellomiceti	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6

Decomposizione della materia organica negli ecosistemi delle rive del Lago Ceresio

Posizione	S1 A	S1 T	S2 A	S2 T	S3 A	S3 T	S4 A (t)	S4 T	S5 A	S5 T	S6 A	S6 T	S7 A	S7 T	S8 A	S8 T	S9 A	S9 T
Spicellomicetales	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Powellomycetaceae	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Powellomyces sp</i>	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Spicellomiceti non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Chytridiomycota non identificato	2	1681	0	0	0	0	18	0	184	0	0	0	0	0	6	0	0	0
Mucoromycota	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Mucoromiceti	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Mucorales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Mucoraceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Mucor saturninus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Olpidiomycota	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	177
GS17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	177
GS17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	177
GS17 non identificato	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	177
Rozellomycota	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26	0
Rocellomycota non identificato	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26	0
Funghi non identificato	0	110	18	43	23	188	0	144	3005	130	0	104	10	67	741	74	0	432
Risultato complessivo	139	35020	1418	45722	3013	25428	843	23957	3462	38496	28194	35810	673	27517	4628	33374	36	35047

