

De stadia van schimmelvorming en de bacterie- en schimmeldiversiteit op rieten daken

Onderzoeksverslag

27 juni 2025, 's-Hertogenbosch | Ons Kenmerk: BO-25000123

In opdracht van: Rietdekkersgilde



HAS green academy
Onderwijsboulevard 221
PO Box 90108
5200 MA 's-Hertogenbosch
Telefoon: +31 (0)88 890 36 00

Documenttitel: Onderzoek naar de stadia van schimmelvorming en de bacterie- en
schimmeldiversiteit op rieten daken

Projectcode: BO-25000123

Opdrachtgever: Rietdekkersgilde: Jan Beenhakker & Corné Daemen

Contactpersoon: Jan Beenhakker

Projectleider inhoud: Arjan Borghuis

Inhoudsdeskundige: Bruce Schoelitsz

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

Plaats: 's-Hertogenbosch

Datum: 27 juni 2025

Voorwoord

Voor u ligt het onderzoeksverslag 'De stadia van schimmelvorming en de bacterie- en schimmeldiversiteit op rieten daken'. Dit onderzoek is uitgevoerd in het kader van de beroepsopdracht voor de opleiding Toegepaste Biologie bij HAS green academy in 's-Hertogenbosch. De beroepsopdracht is het laatste onderdeel van ons afstudeertraject. We zijn van februari tot en met juli 2025 bezig geweest met het onderzoek en schrijven van de beroepsopdracht.

Tijdens dit project hebben wij kennis gemaakt met verschillende microbiologische en moleculaire technieken zoals schimmel- en bacteriekweken, DNA isolatie, PCR, barcoding en metabarcoding. Deze opdracht heeft niet alleen onze inhoudelijke kennis verdiept en vaardigheden verbeterd, maar ook bijgedragen aan onze ontwikkeling als onderzoekers.

Graag bedanken wij onze begeleiders Arjan Borghuis en Bruce Schoelitsz voor hun feedback en begeleiding. Ook danken wij de teams van het Microlab en het Chemielab voor de ondersteuning gedurende het praktisch werk. Bijzondere dank gaat uit naar René de Kloe voor zijn inzet en het maken van de indrukwekkende SEM-afbeeldingen, die een onmisbare bijdrage hebben geleverd aan het onderzoek. Tot slot willen wij onze familie en vrienden bedanken voor hun voortdurende steun en aanmoediging gedurende de gehele beroepsopdracht.

Wij wensen u veel leesplezier toe.

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

Samenvatting

Het rieten dak verslijt sneller dan enkele tientallen jaren geleden, vermoedelijk onder invloed van schimmels. In dit onderzoek is uitgezocht welke schimmels hierbij betrokken zijn en of er sprake is van een opeenvolging van soorten in het afbraakproces.

Er zijn monsters verzameld van elf daken met verschillende dakconstructies. Hierbij zijn zowel aangetaste als onaangetaste plekken bemonsterd. De monsters zijn optisch en microscopisch geanalyseerd en de structurele integriteit van het riet is getest. Schimmels en bacteriën zijn op voedingsbodems gezet, rein gemaakt en ingedeeld in categorieën. Van elke schimmelcategorie zijn reïnculturen geïdentificeerd. De geïdentificeerde schimmels zijn microscopisch onderzocht en op enzymplaten gezet om afbraakcapaciteiten in kaart te brengen.

Op de rietmonsters zijn veel verschillende schimmels aangetroffen. Een deel hiervan waren witrotschimmels die in staat zijn om lignine, cellulose en hemicellulose af te breken. De samenstelling van schimmels verschilde tussen de locaties op het dak. In de aangetaste delen zijn geeloranje pluis en vruchtlichamen gevonden. Het riet was op deze plekken zwakker dan op de onaangetaste delen van het dak. Naast witrotschimmels zijn er ook bruinrotschimmels gevonden.

Drie lignine-aantastende schimmels, *Didymella cf. prosopidis*, *Pestalotiopsis sp.* en *Aspergillus spp.* spelen mogelijk een rol in de primaire aantasting. Het verschil in de samenstelling van de schimmelsoorten per locatie op het dak toont een successie aan die plaatsvindt bij de schimmels die het riet aantasten. Naast de eerder genoemde soorten zijn er ook vruchtlichamen van een witrotschimmel van het geslacht *Fuscoporia contigua* gevonden in aangetaste plekken. Bruinrotschimmels zijn waarschijnlijk pas later in het aantastingsproces schadelijk voor het riet. Alle gevonden schimmelgeslachten komen van nature voor in Nederland en kunnen via natuurlijke wegen op het rieten dak terecht gekomen zijn, zowel via vers riet als via de lucht.

Inhoudsopgave

1. Introductie	6
2. Materiaal en methode	8
2.1. Bemonstering van rieten daken	8
2.2. Zichtbare, microscopische en structurele kenmerken van aantasting	10
2.3. Identificatie van schimmelsoorten	11
2.4. Identificatie van bacteriesoorten	12
2.5. Data-analyse.....	13
3. Resultaten	14
3.1. Zichtbare kenmerken van aantasting.....	14
3.2. Microscopische kenmerken van aantasting	15
3.3. Structurele integriteit van riet	17
3.4. Aantal schimmel- en bacteriemorfologieën op voedingsbodems	21
3.5. Samenstelling schimmelcategorieën	23
3.6. Gevonden schimmelgeslachten en -soorten.....	26
3.7 Samenstelling schimmelgeslachten metabarcoding.....	29
3.8. Afbraakvermogen gevonden schimmels	31
3.9. Gevonden bacteriesoorten	34
4. Discussie en conclusie.....	37
Literatuurlijst.....	41
Bijlagen, zie volgende pagina	

Bijlage 1. Protocol voor bemonstering rieten daken.....	50
Bijlage 2. Bemonsteringsformulier	52
Bijlage 3. Protocol voor driepunts breektest	53
Bijlage 4. De verschillende schimmelcategorieën	54
Bijlage 5. Schimmelkolonies geselecteerd voor identificatie.....	57
Bijlage 6. Protocol voor DNA extractie en PCR	62
Bijlage 7. De verschillende bacterie categorieën	65
Bijlage 8. Bacteriekolonies geselecteerd voor identificatie	69
Bijlage 9. Verkregen ITS1, ITS4 en uitgelijnde sequenties	77
Bijlage 10. BLAST resultaten van barcoding	91
Bijlage 11. Overzicht van twintig geïdentificeerde schimmels met afbeeldingen	109
Bijlage 12. Resultaten van metabarcoding	129
Bijlage 13. Geslachten per monstertype, metabarcoding	143
Bijlage 14. Enzymplaten voor de afbraak van lignine.....	147

1. Introductie

Rieten daken versterken het karakter van landelijk gelegen (monumentale) bouwwerken en zijn belangrijk voor de culturele waarde van een landschap. Om deze redenen is de instandhouding van deze bouwkunst wettelijk vastgelegd (Rijksdienst voor het Cultureel Erfgoed, 2023). Desalniettemin wordt het voorbestaan van het rieten dak steeds lastiger door de afname van de levensduur van het riet in de afgelopen jaren (Hofmann et al., 2016; Beenhakker & Daemen, Pers. Comm; National Society of Master Thatchers Limited, 2018). Al in 1970 is de vervroegde afbraak van rieten daken waargenomen (Haslam, 1989). Door deze afbraak is er meer én vaker onderhoud nodig om het dak in een functionele staat te behouden.

Dit is zowel nadelig voor huiseigenaren vanwege de extra kosten als voor rietdekkers omdat de kwaliteit van hun vakmanschap in twijfel kan worden getrokken.

Een grote dreiging van rieten daken zijn rotschimmels. Met name wit- en bruinrotschimmels zijn in staat om lignocellulose af te breken. Lignocellulose is een belangrijk onderdeel van plantaardige celwanden en bestaat uit cellulose, hemicellulose en lignine. Door deze afbraak verliest het riet zijn structurele integriteit en wordt daarmee de kwaliteit van het dak aangetast. Witrotschimmels breken lignine af met behulp van enzymen zoals ligninase en laccase, wat zorgt voor een verbleking van de kleur en het zacht en slap worden van het aangetaste materiaal (Leonowicz et al., 1999). Bruinrotschimmels zijn gespecialiseerd in de afbraak van holocellulose (cellulose en hemicellulose), waardoor het aangetaste materiaal een donkerdere kleur aanneemt en bros wordt (Arantes & Goodell, 2014). Deze stoffen worden afgebroken met behulp van Fenton reacties. In dit proces reageren de door de schimmel uitgescheiden waterstofperoxidemoleculen met ijzerionen in het houtig materiaal, waarbij hydroxylradicalen gevormd worden. Deze zeer reactieve HO-moleculen hebben een halveringstijd van 9-10 seconden en reageren met de holocellulose in het houtig materiaal, wat de aantasting veroorzaakt (Arantes & Goodell, 2014). De groei van lignocellulose-afbrekende schimmels wordt mede beïnvloed door het klimaat en de onderconstructie van het dak (geschroefd of gebonden). Een stijgende luchtvochtigheid en hogere temperaturen door klimaatverandering kunnen leiden tot gunstigere omstandigheden voor schimmelgroei, wat mogelijk bijdraagt aan de snellere afbraak van rieten daken (Bilgili & Tokmakci, 2025; Nielsen et al., 2004). Naast schimmels zijn er ook bacteriën die de lignocellulose af kunnen breken (Okeke & Lu, 2011; Wang et al., 2013).

In de natuur zijn verschillende schimmels, gisten en bacteriën betrokken bij de afbraak van riet. De afbraak van levend riet begint met blauwverkleuringsschimmels, gisten en gespecialiseerde bacteriën die leven van nutriënten die makkelijk te verkrijgen zijn. Deze microben worden opgevolgd door lignocellulose-afbrekende schimmels en tunnelende/eroderende bacteriën (Ágoston-Szabó & Dinka, 2008; National Society of Master Thatchers Limited, 2018).

Schimmels die mogelijk een rol spelen in de afbraak van rieten daken zijn bijvoorbeeld de geslachten *Mycena* en *Penicillium*. Soorten binnen het geslacht *Mycena* kunnen namelijk cellulose afbreken (Baldrian et al., 2012). Eerder vond een rapport van Wageningen Universiteit verschillende *Penicillium* soorten die een rol leken te spelen bij de afbraak van riet (van der Kolk et al., 2020). Het is nog onduidelijk welke schimmels betrokken zijn bij de afbraak van een rieten dak en of een vergelijkbare successie plaatsvindt als bij de afbraak van riet in de natuur.

Het kan ingewikkeld zijn om schimmels zonder hulpmiddelen accuraat te identificeren omdat de morfologische eigenschappen soms niet te onderscheiden zijn (Gautam et al., 2022). Met behulp van enzymplaten is het wel mogelijk om de lignocellulose-aantastende eigenschappen te visualiseren. Dit zijn groeimedia op basis van agar waaraan guaiacol, carboxymethylcellulose of xylaan zijn toegevoegd die de enzymatische afbraak van lignine, hemicellulose en cellulose zichtbaar kunnen maken (Ang et al., 2011; Dossall et al., 2014; Gohel et al., 2014; Goud et al., 2011; Pointing, 1999). Daarnaast kunnen de schimmels met methodes als DNA-barcoding en Next Generation Sequencing worden geïdentificeerd op basis van Internal Transcribed Spacers. Deze non-coderende genen zijn zeer polymorfisch en daarom geschikt om soorten van elkaar te onderscheiden (Fajarningsih, 2016).

Om de versnelde afbraak op rieten daken in beeld te brengen is dit onderzoek uitgevoerd. Hierbij was het doel 'het identificeren van de schimmels en/of bacteriën die betrokken zijn bij de versnelde afbraak van rieten daken, net als de aan- of afwezigheid van microbiële successie'. Hiervoor zijn van elf daken monsters verzameld van riet met verschillende mate van aantasting. Deze monsters zijn microscopisch onderzocht en op kweek gezet om reïnculturen (schimmels), vloeibare mengmonsters (schimmels) en isolaten (bacteriën) te maken. Vervolgens zijn deze op visuele kenmerken gecategoriseerd en is minimaal één schimmel per categorie extern geïdentificeerd met Sanger sequencing op basis van geïsoleerd DNA. Dezelfde schimmels zijn parallel aan de identificatie gekweekt op groeimedia met toevoeging van guaiacol, carboxymethylcellulose of xylaan om zo het houtaantastend vermogen te visualiseren. Verder zijn de vloeibare mengmonsters geïdentificeerd met behulp van Next Generation Sequencing op basis van PCR-producten en zijn de bacterie-isolaten geïdentificeerd op basis van vorm en gramkleuring. Daarnaast is de structurele integriteit van het riet onderzocht met een driepunts breektest om het effect van de schimmels op de stevigheid van riet in kaart te brengen.

2. Materiaal en methode

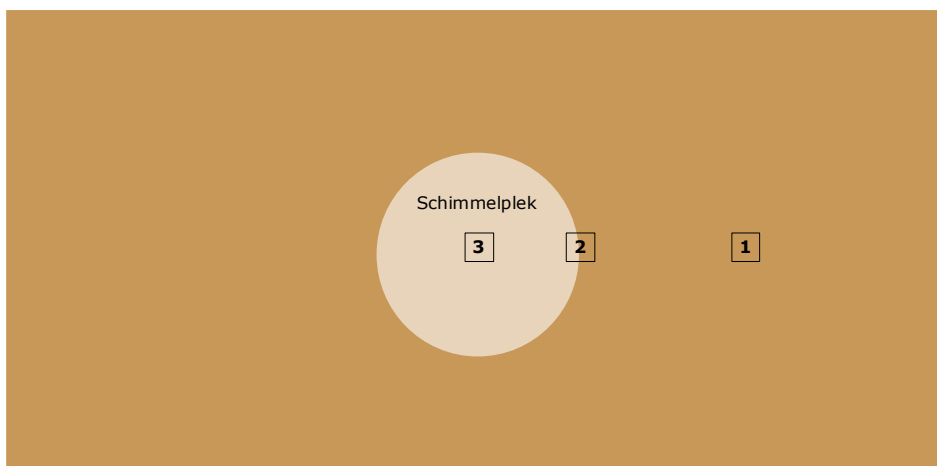
2.1. Bemonstering van rieten daken

De rietmonsters zijn genomen uit elf aangetaste rieten daken. Deze aantasting is vooraf visueel vastgesteld door rietdekkers van het Rietdekkersgilde. De bemonsterde daken zijn gelegen in de zuidelijke helft van Nederland. De daken verschilden in leeftijd en locatie (tabel 1).

Binnen de daken zijn twee dakconstructies te onderscheiden: een gebonden of een geschroefd dak. Vier van de bemonsterde daken hebben een gebonden constructie, vijf een geschroefde constructie en van twee daken is de constructie onbekend (tabel 1).

De monsters zijn genomen volgens het opgestelde protocol en een bemonsteringsformulier is per monster ingevuld (bijlage 1; bijlage 2). Genomen monsters zijn afkomstig uit de kern van een aangetaste plek, de rand van de aangetaste plek en een onaangetaste plek op dezelfde hoogte. Als er meer dan één schimmelplek zichtbaar was, zijn de monsters genomen van de grootste schimmelplek (figuur 1).

Naast de aangetaste daken is ook een monster aangeleverd bestaande uit nieuw, schoon, onaangetast riet dat nog niet op een dak heeft gelegen maar onderdeel was van een levering nieuw riet.



Figuur 1: Een bemonsteringsscenario met een schimmelplek. Uit deze schimmelplek zijn monsters 1 (onaangetast), 2 (rand van plek) en 3 (kern van plek) genomen.

De monsters zijn in afgesloten plastic zakken aangeleverd met de bijbehorende bemonsteringsformulieren en opgeslagen in een koelcel met een temperatuur van 8 °C. Van elk

monster is, als voldoende materiaal beschikbaar was, een deel in een vriezer met een temperatuur van -22 °C geplaatst (tabel 1).

Tabel 1: Overzicht van informatie over de verzamelde rietmonsters. In de kolom Monstertype staat weergegeven of dat het monster afkomstig is van onaangetaast riet van het dak, rand van de schimmelplek of de kern van de schimmelplek (monstertype 1, 2 en 3). Wanneer informatie miste op het bemonsteringsformulier, is 'onbekend' ingevuld. In de kolom Vriezer is aangegeven of er materiaal van het monster in de vriezer is opgeslagen.

Dak	Monster	Locatie	Leeftijd riet	Herkomst riet	Daktype	Oriëntatie	Monstertype	Vriezer
Schoon	0		0 jaar	China			Schoon	Ja
1	1	Breda	2004 (10/11 jaar)	Nederland	Gebonden	Zuid	3	Ja
1	2	Breda	2004 (10/11 jaar)	Nederland	Gebonden	Zuid	2	Ja
1	3	Breda	2004 (10/11 jaar)	Nederland	Gebonden	West	3	Ja
1	4	Breda	2004 (10/11 jaar)	Nederland	Gebonden	West	2	Ja
1	5	Breda	2004 (10/11 jaar)	Nederland	Gebonden	Onbekend	1	Ja
2	6	Rotterdam	1994 (30 jaar)	Nederland	Gebonden	Zuid - west	3	Ja
2	7	Rotterdam	1994 (30 jaar)	Nederland	Gebonden	Zuid - west	2	Ja
2	8	Rotterdam	1994 (30 jaar)	Nederland	Gebonden	Zuid - west	1	Ja
2	9	Rotterdam	1994 (30 jaar)	Nederland	Gebonden	Zuid - west	3	Ja
3	10	Sprundel	Onbekend	Onbekend	Geschroefd	Zuid	3	Ja
3	11	Sprundel	Onbekend	Onbekend	Geschroefd	Zuid	1	Ja
3	12	Sprundel	Onbekend	Onbekend	Geschroefd	Zuid	3	Ja
3	13	Sprundel	Onbekend	Onbekend	Geschroefd	Zuid	1	Ja
4	14	Onbekend	Onbekend	Onbekend	Gebonden	Zuid	3	Ja
5	15	De Meern	Onbekend	Hongarije	Onbekend	Oost	3	Ja
5	16	De Meern	Onbekend	Hongarije	Onbekend	Oost	1	Ja
6	17	Boskoop	Onbekend	Nederland	Onbekend	Zuid	3	Ja
6	18	Boskoop	Onbekend	Nederland	Onbekend	Zuid	1	Ja
7	19	Breda	16 jaar	Hongarije	Gebonden	Zuidwest	3	Ja
7	20	Breda	16 jaar	Hongarije	Gebonden	Zuidwest	1	Ja
8	21	Rijsbergen	9,5 jaar	Turkije	Geschroefd	Zuid	3	Ja
8	22	Rijsbergen	9,5 jaar	Turkije	Geschroefd	Zuid	1	Ja
9	23	Rotterdam	9 jaar	Nederland	Geschroefd	Zuid	3	Ja
10	24	Rockanje	5 jaar	Nederland	Geschroefd	Zuidoost	3	Nee
11	25	Rotterdam	25 jaar	Turkije	Geschroefd	Zuidwest	3	Ja

2.2. Zichtbare, microscopische en structurele kenmerken van aantasting

De ontvangen rietmonsters zijn indien mogelijk op de dag van ontvangst macroscopisch en onder een stereomicroscopie onderzocht op sporen van aantasting. Indien het niet mogelijk was de monsters op dezelfde dag te onderzoeken, zijn de monsters maximaal 3 dagen bewaard in een koelcel met een temperatuur van 8 °C.

De aan- of afwezigheid van zichtbare schimmels is vastgesteld, door macroscopisch (met het blote oog) en onder een stereomicroscopie naar een deel van de rietstengel te onderzoeken en te bepalen of mycelium aanwezig was. Als macroscopisch aantasting in het monster zichtbaar was, is een aangetast deel van de stengel gekozen. Als er geen aantasting zichtbaar was, is een willekeurig deel van een stengel gekozen. De kleur van de eventuele aantasting is visueel bepaald onder de stereomicroscopie (vergroting 1x tot 5x). Van elk monster zijn afbeeldingen gemaakt.

Van alle monsters zijn preparaten gemaakt door dunne stukken riet en aantasting van het eerder onderzochte deel van een stengel te halen en op een objectglas in een druppel water te leggen. Onder een doorvallend-lichtmicroscopie is gekeken of er sporen aanwezig waren (vergroting 100x en 400x). Van elk preparaat zijn afbeeldingen gemaakt. Daarnaast zijn enkele veelvoorkomende vormen van aantasting onderzocht in een Scanning Electron Microscope (SEM). Een FEI Quanta250 feg microscopie is gebruikt. Stukjes riet zijn met geleidende zilververf op stubs geplakt. De SE (secundaire elektronen) beelden zijn opgenomen met 5 kV versnelling, 50 pA bundelstroom en een kamerdruk van 50 Pa H₂O.

De stevigheid van het riet is bepaald met een driepunts breektest op een druk/trek bank (Instron 3344), waarbij de benodigde drukkracht om een stengel van 9 cm lang 10 mm in te drukken is gemeten. De punten waarop het monster steunde zijn 5 cm uit elkaar geplaatst (bijlage 3). De breektest is uitgevoerd op riet van alle monsters met uitzondering van het monster van dak 10 vanwege een gebrek aan voldoende materiaal. De stevigheid van schoon riet dat nog nooit op het dak heeft gelegen is ook getest, zowel direct na ontvangst als na een periode van 4 dagen in een droogstoof van 80 °C. Dit is gedaan om te bepalen of een periode van verder drogen invloed heeft op de stevigheid van het riet.

2.3. Identificatie van schimmelsoorten

Schimmels, voor zover aanwezig, zijn van de monsters op rietplaten overgebracht door vier stukken riet van elk ongeveer 5 cm op een voedingsbodem (malt extract agar, MEA) te plaatsen. De MEA voedingsbodems zijn gemaakt door 50 gram MEA poeder aan 1 liter water toe te voegen. Als zichtbare aantasting aanwezig was, zijn aangetaste rietstengels gebruikt. Als er geen zichtbare aantasting was, dan zijn willekeurige stengels gebruikt. De rietplaten, voedingsbodems met stukken riet erop, zijn gedurende 5 dagen op 25 °C geïncubeerd. Na de incubatieperiode is van elke rietplaat bepaald hoeveel unieke morfologieën aanwezig waren. Dit is gedaan op basis van macroscopische observatie met het blote oog. De voedingsbodems en incubatietemperatuur zijn bepaald op basis van het pilotonderzoek. De opzet is in duplo uitgevoerd.

De gegroeide schimmels op de platen zijn op basis van uiterlijke kenmerken vergeleken. Per type uiterlijk/morfologie zijn meerdere (minimaal 1 tot maximaal drieëntwintig) schimmels overgezet op nieuwe voedingsbodems (MEA) en rein gemaakt, zodat de reïncultuur een enkele soort bevat. Op basis van morfologische kenmerken van de reïnculturen zijn elf schimmelcategorieën opgesteld (bijlage 4). De reïnculturen zijn ingedeeld in deze elf categorieën. De macroscopische classificatie is bepaald door de volgende kenmerken: kleur, structuur, vorm en de rand van de kolonie. De rand van de kolonie verwijst naar de visuele scheiding tussen de kolonie en de agar of een andere schimmel, en kan rond, rafelig of dradig zijn. De rietplaten, de oorspronkelijke voedingsbodems met stukken riet erop, zijn vergeleken met de elf categorieën. Hiermee is bepaald welke categorieën aanwezig waren op de rietmonsters. Voor externe identificatie werden 19 kolonies geselecteerd, minimaal één kolonie per categorie. Daarnaast is een reïncultuur van oesterzwam (*Pleurotus ostreatus*) gebruikt als 20^e kolonie (bijlage 5). Van de 20 reïnculturen zijn afbeeldingen gemaakt met behulp van een stereomicroscop, een doorvallend-lichtmicroscop en een SEM (FEI Quanta250 feg). Met een scherp mes zijn blokjes voedingsbodem met schimmel uit de platen gesneden. De blokjes zijn met zilververf op stubs geplakt, met een laagje zilververf over een rand van de blokjes. De SE (secundaire elektronen) beelden zijn opgenomen met 5 kV versnelspanning, 50 pA bundelstroom en een kamerdruk van 50 Pa H₂O.

De reïnculturen zijn op enzymplaten overgebracht waarmee enzymatische afbraak van lignine, cellulose en hemicellulose onderzocht konden worden. Voor de afbraak van lignine is 0,2 gram guaiacol per liter MEA gebruikt (Ang et al., 2011; Goud et al., 2011). Voor de afbraak van cellulose en hemicellulose zijn respectievelijk 50 gram carboxymethylcellulose (CMC) en 10 gram xyloaan per liter MEA gebruikt (Doddall et al., 2014; Gohel et al., 2014; Pointing, 1999). De platen met CMC en xyloaan zijn gedurende 6 dagen op 25 °C geïncubeerd. Na de incubatieperiode zijn de platen beoordeeld door de schimmel weg te schrapen, te spoelen met lugol en te kijken naar een gebrek van verkleuring onder en naast de schimmelkolonie. De platen met guaiacol zijn gedurende 13

dagen op 25 °C geïncubeerd. Op dag 6 en op dag 13 zijn de platen beoordeeld door te kijken naar een roodbruine verkleuring naast en onder de schimmelkolonie.

DNA is geïsoleerd uit de 20 geselecteerde reïnculturen. Daarnaast is DNA geïsoleerd uit geel/oranje pluis en vruchtlichamen gevonden op twee rietmonsters. Hiervoor was de NucleoSpin Plant II kit van Macherey-Nachel gebruikt. Vervolgens is PCR uitgevoerd met de primers ITS1 (5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3') en ITS4 (5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC-3') (bijlage 6). Ter negatieve controle is een blanco bestaande uit enkel water gebruikt. Het verkregen PCR-product bestaat uit twee sequenties. Sequentie 1 (ITS1) bevat de sequenties van de ITS1-primer, regio ITS1, 5.8S gen en regio ITS2. Sequentie 2 (ITS4) bevat de sequenties van de ITS4-primer, regio ITS2, 5.8S gen en regio ITS1. De PCR-producten zijn opgestuurd naar Eurofins Genomics voor Sanger sequencing (Eurofins Genomics, z.d.-a). Een enkele willekeurige reïncultuur (kolonie 10) is ter controle dubbel opgestuurd (identificatienummer 10 en 25).

De resultaten van Sanger sequencing, ITS1 en ITS4 sequenties, zijn in BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) gecombineerd. De verkregen uitgelijnde sequenties zijn in het geheel in de ITS-database van BLAST opgezocht en gekoppeld aan de meest waarschijnlijke identificatie (National Institutes of Health, z.d.). Een minimale cover query waarde van 70% is aangehouden, de minimumwaarde voor identificatiepercentage was 90%. Identificaties zijn als "vrijwel zeker" beschouwd met een cover query waarde van minimaal 75% en een identificatiepercentage van minimaal 97%. Bij een identificatiewaarde tussen de 94% en 97% is een identificatie als "onzeker" beschouwd. Met behulp van literatuur werd het aantastingsvermogen van de schimmels bepaald.

Van alle ontvangen monsters, met uitzondering van dak 10, is opgeslagen materiaal uit de vriezer gehaald en in vloeibaar malt extract broth geplaatst. Na 3 dagen incubatie op 25 °C is DNA geïsoleerd uit de vloeibare voedingsbodem met behulp van de NucleoSpin Plant II kit. Het verkregen DNA is opgestuurd naar Eurofins Genomics voor metabarcoding met de INVIEW Microbiome Profiling service (Eurofins Genomics, z.d.-b). Op basis van literatuur werd het aantastingsvermogen vastgesteld.

2.4. Identificatie van bacteriesoorten

Bacteriën zijn van het riet op rietplaten overgebracht door vier stukken riet van elk ongeveer 5 cm op een voedingsbodem (nutriënt agar, NA) te plaatsen. De NA voedingsbodems zijn gemaakt door 20 gram NA poeder aan 1 liter water toe te voegen. Als zichtbare aantasting aanwezig was, zijn aangetaste rietstengels gebruikt. Als er geen zichtbare aantasting was, dan zijn willekeurige stengels gebruikt. De rietplaten, voedingsbodems met stukken riet erop, zijn gedurende 5 dagen op

25 °C geïncubeerd. Na de incubatieperiode is van elke rietplaat macroscopisch (met het blote oog) bepaald hoeveel unieke morfologieën aanwezig waren. De opzet is in duplo uitgevoerd.

Bacteriën zijn van de rietplaten, de voedingsbodems met stukken riet, overgezet op nutriënt agar (NA) platen om isolaten te vormen. Deze isolaten bestaan uit één soort bacterie. Daarna zijn ze op basis van koloniemorfologie (kleur, structuur, vorm, rand) in categorieën ingedeeld (bijlage 7). Per categorie zijn één tot vier isolaten geselecteerd voor verdere identificatie (bijlage 8). Met behulp van een doorvallend-lichtmicroscop en gramkleuring zijn de isolaten geclassificeerd en ingedeeld in grampositieve en -negatieve staven, kokken en komvormigen.

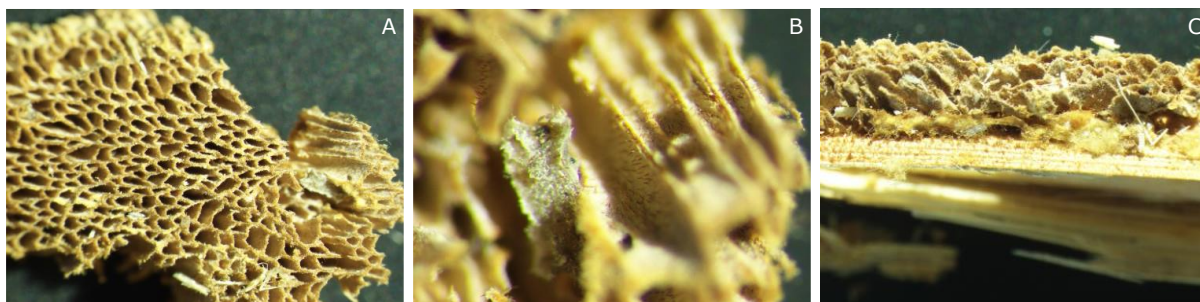
2.5. Data-analyse

Om verschillen in stevigheid (drukkracht) van het riet tussen de monstertypen, daktypen en individuele daken te testen zijn Kruskal-Wallis toetsen gebruikt met Dunn-toetsen (Bonferroni als correctie) als post hoc, aangezien de data niet normaal verdeeld was (Shapiro-Wilk toets). Dezelfde testen zijn gebruikt om te kijken of er verschil was in stevigheid tussen schoon riet voor en na het drogen. Om verschillen in het aantal unieke morfologieën op de twee soorten voedingsbodems tussen de monstertypen, daktypen en daken te testen zijn ook Kruskal-Wallis en Dunn-toetsen gebruikt. Om te testen of er verschillen zijn in gevonden schimmelcategorieën tussen de monstertypen, daktypen en individuele daken zijn PERMANOVA en Pairwise-PERMANOVA toetsen gebruikt. Deze toetsen zijn ook gebruikt om verschillen te testen in de schimmelsamenstellingen verkregen uit metabarcoding tussen de monstertypen, daktypen en daken. De gevonden bacterie-types zijn weergegeven in een histogram. Alle statistische analyses zijn uitgevoerd met behulp van het programma RStudio (Posit Software, z.d.).

3. Resultaten

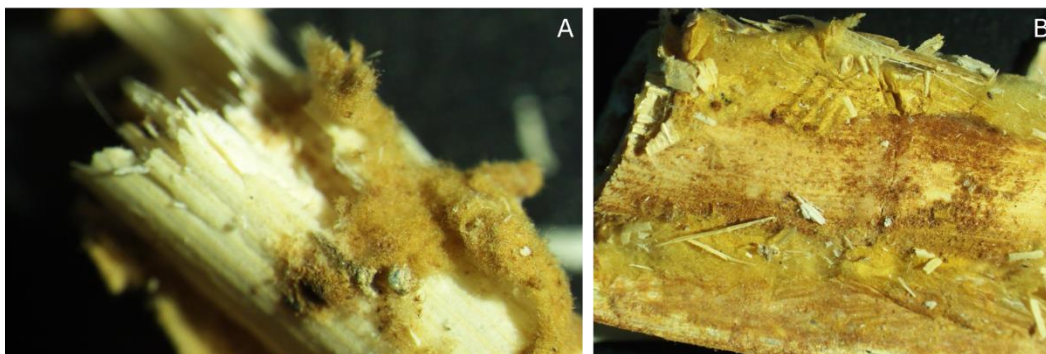
3.1. Zichtbare kenmerken van aantasting

In zeven monsters zijn vruchtlichamen aangetroffen (figuur 2). Deze monsters zijn genomen uit de kern van een schimmelplek. De vruchtlichamen bevatten stekelvormige structuren (figuur 2B).



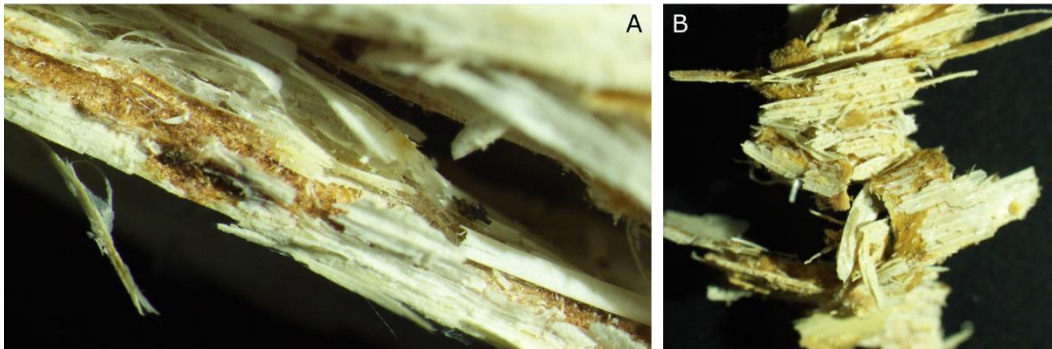
Figuur 2: Vruchtlichamen aangetroffen in rietmonsters. Afbeelding A: bovenaanzicht van vruchtlichaam. Afbeeldingen B: Detailfoto stekelvormige structuren. Afbeelding C: Zijaanzicht van vruchtlichaam op rietstengel.

Twaalf monsters bevatte pluis met een geel tot oranje kleur (figuur 3). Drie van deze monsters zijn genomen uit de rand van de schimmelplek. De overige monsters zijn verkregen uit de kern van een schimmelplek.



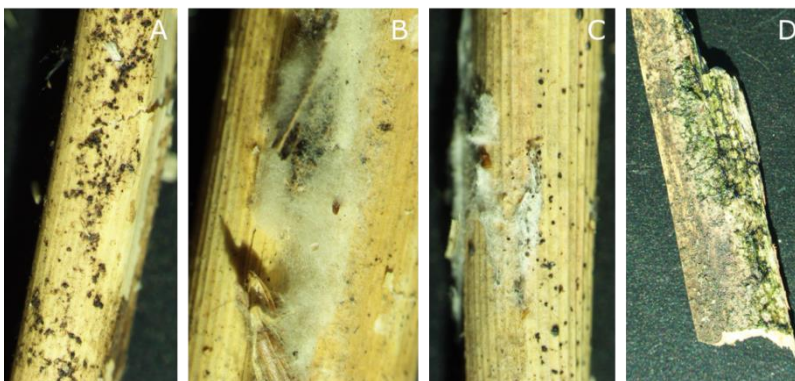
Figuur 3: Geeloranje pluis aangetroffen op rietmonsters. Afbeelding A: Bovenaanzicht van pluis. Afbeelding B: Detailfoto pluis op riet.

Op monsters uit de rand en uit de kern van een schimmelplek was aangetast rietmateriaal aangetroffen met een witte verkleuring en een zachte structuur (figuur 4). De structuur van het riet was van lage kwaliteit en het materiaal viel makkelijk uit elkaar. Deze structuur was niet aanwezig op onaangetast riet van de daken.



Figuur 4: Wit en zacht geworden riet. Afbeelding A: Detailfoto van zacht riet. Afbeelding B: Detailfoto aangetast riet.

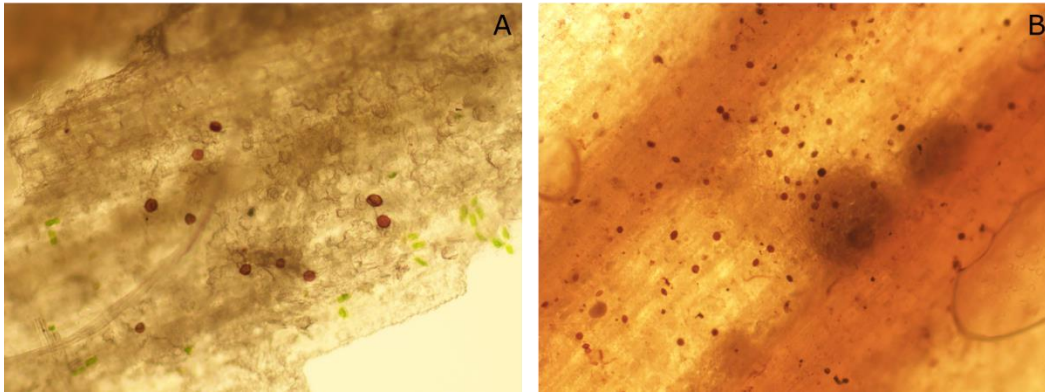
Op een dak werden in de kern van de schimmelplek zwarte plekken en wit pluis waargenomen. Algen zijn aangetroffen zowel op onaangetast riet als in de kern van schimmelplekken (figuur 5).



Figuur 5: Zwarte plekken en wit pluis. Afbeelding A: Bovenaanzicht algen. Afbeelding B: Detailfoto wit pluis. Afbeelding C: Bovenaanzicht alg en wit pluis. Afbeelding D: Bovenaanzicht algen.

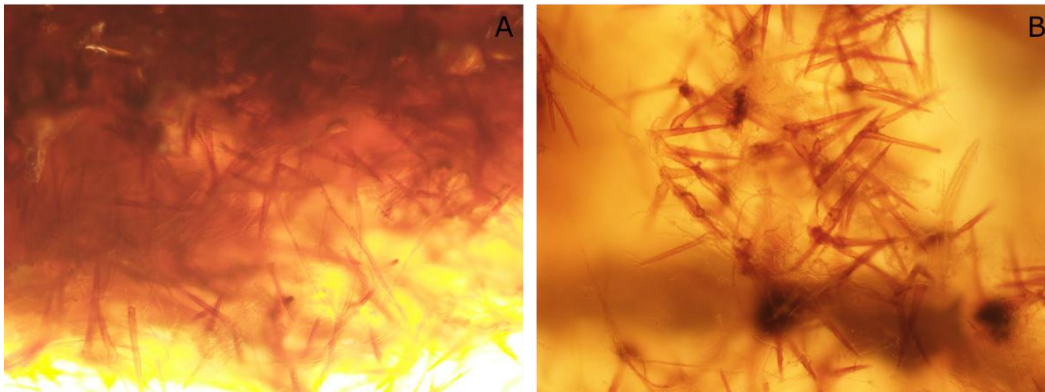
3.2. Microscopische kenmerken van aantasting

Op zeventien van de monsters zijn sporen gevonden (figuur 6). Sporen zijn niet aangetroffen op het schone riet dat nooit op het dak heeft gelegen (dak 0). De monsters waren afkomstig uit de kern van de schimmelplek, de rand van de schimmelplek en onaangetaste plekken. Niet op alle monsters uit de kern van een schimmelplek zijn sporen aangetroffen. Hetzelfde geldt ook voor de monsters van de rand en van onaangetast riet.



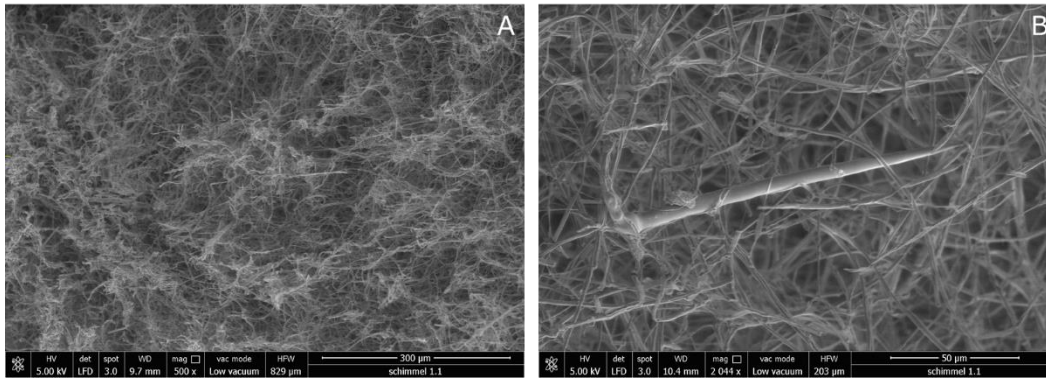
Figuur 6: Afbeelding A en B laten sporen van schimmels zien met een vergroting van 100x.

Er zijn op veertien monsters stekelvormige objecten waargenomen (figuur 7). Op monsters uit onaangetaste plekken zijn deze objecten niet aangetroffen. De stekelvormige objecten zijn gevonden op het riet, in het pluis en in de vruchtlichamen. Op alle monsters uit de rand van de schimmelplek zijn de stekels aangetroffen, dit is niet het geval voor monsters uit de kern.

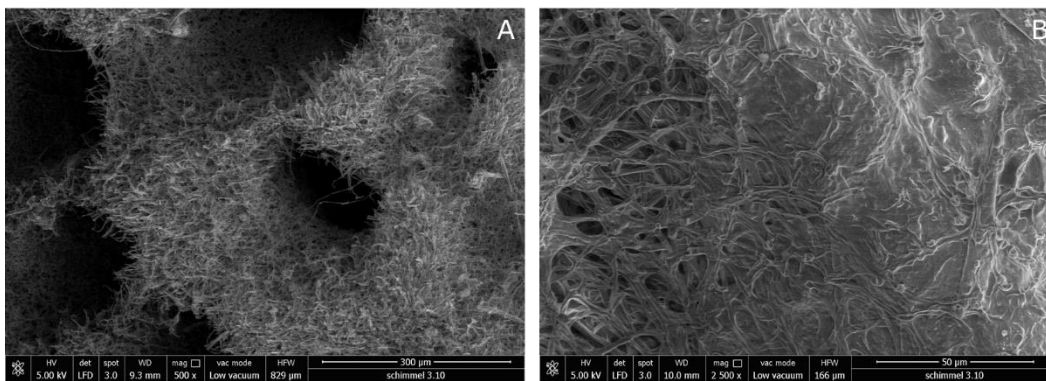


Figuur 7: Afbeelding A en B laten stekels zien die zijn aangetroffen op het riet met een vergroting van 100x.

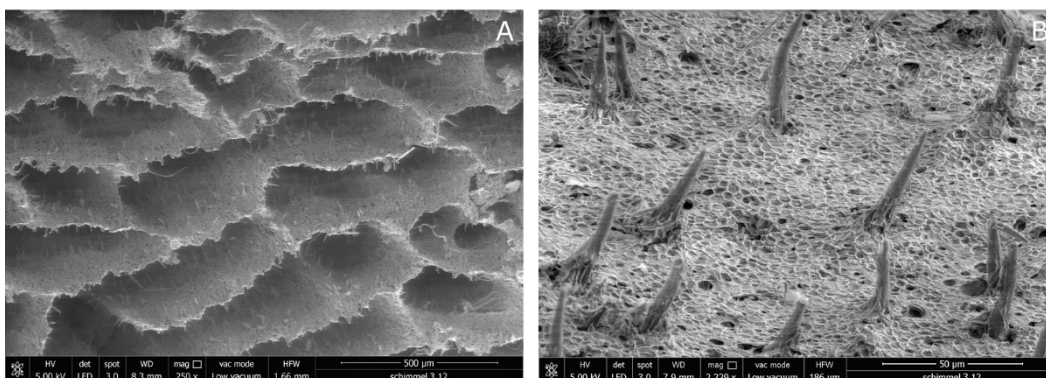
Verschillende vormen van aantasting (vruchtlichamen, pluis en stekels) zijn in een Scanning Electron Microscope (SEM) onderzocht. Zowel in het pluis als op de vruchtlichamen zijn stekels gevonden (figuur 8; figuur 10). Er was verschil in de structuur van de twee onderzochte vruchtlichamen (figuur 9; figuur 10).



Figuur 8: SEM afbeeldingen van oranje pluus en een stekel in het pluus. Monster afkomstig van dak 1.



Figuur 9: SEM afbeeldingen van een vruchtlichaam afkomstig van dak 3, monster 10.

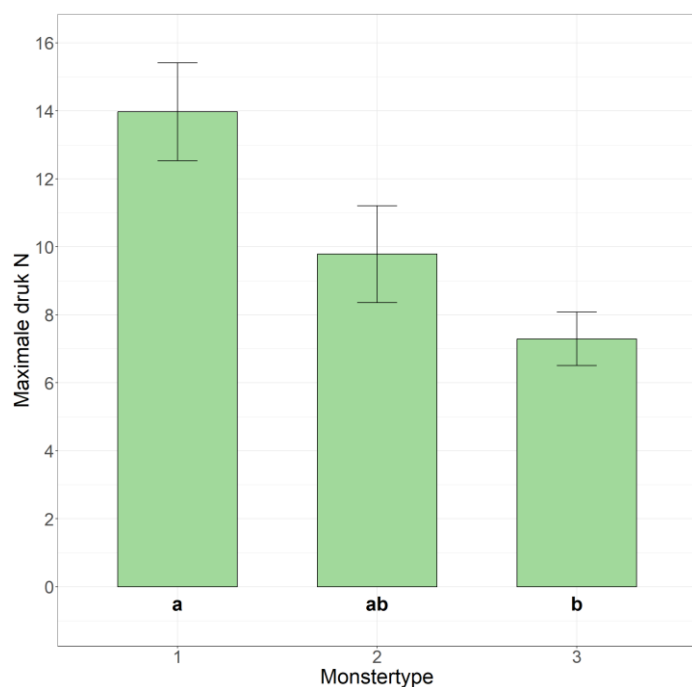


Figuur 10: SEM afbeeldingen van een vruchtlichaam afkomstig van dak 3, monster 12.

3.3. Structurele integriteit van riet

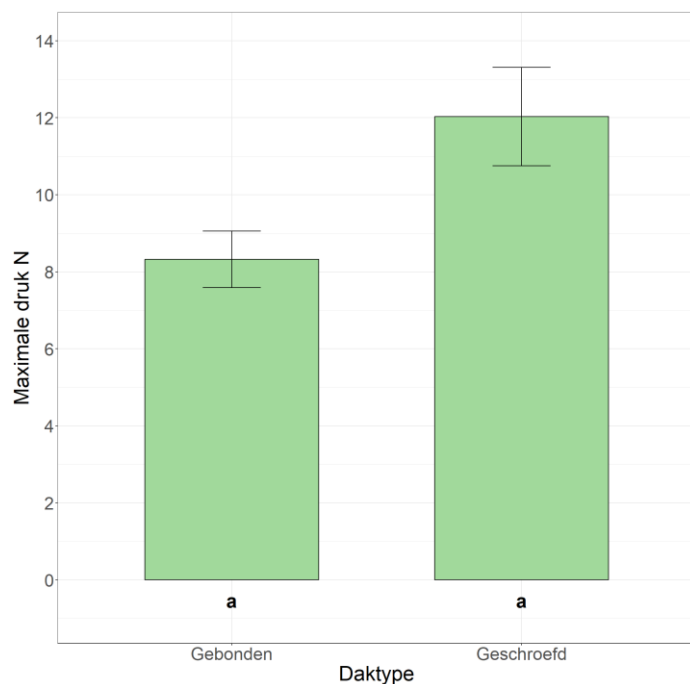
Het onaangetaste riet was significant sterker dan het riet uit de kern van een schimmelplek (figuur 11). Er was gemiddeld 7 Newton meer druk nodig om het onaangetaste riet te breken ten opzichte

van het riet van de kern van de schimmelplek. De maximale druk op het riet van de rand van de schimmelplek, verschilde niet significant met de andere twee monstertypes.



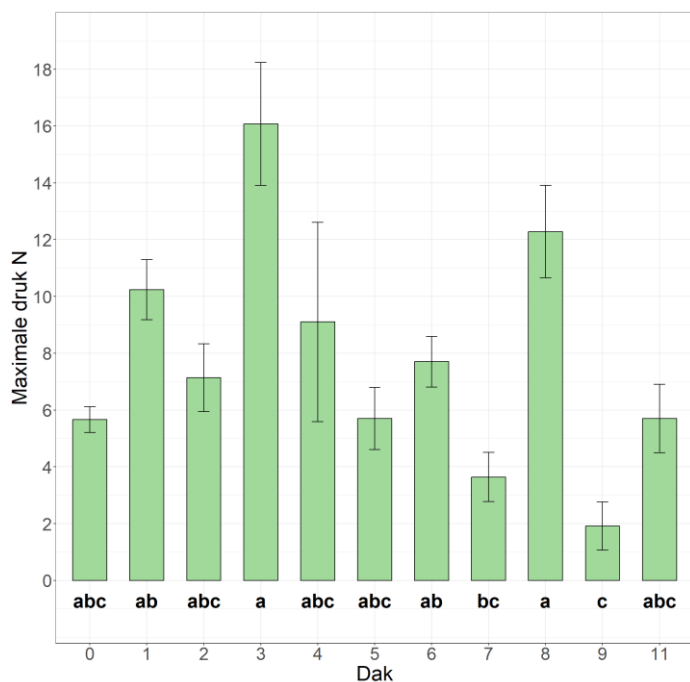
Figuur 11: De gemiddelde maximale druk die nodig was om een rietstengel te breken in Newton. Deze is apart weergegeven voor onaangetast riet, rand van de schimmelplek en de kern van de schimmelplek (monstertype 1, 2 en 3). Wanneer de letters in de grafiek verschillend zijn geven deze significantie aan tussen de monstertypes ($p < 0,05$), ook is de standaardfout weergegeven met foutbalken.

Tussen de gebonden en geschroefde dakconstructies is geen significant verschil gevonden in maximale druk (figuur 12).



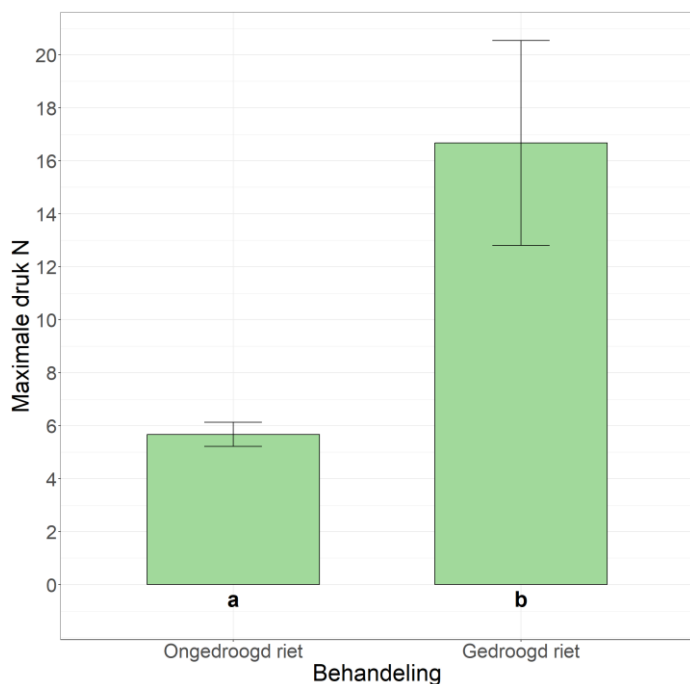
Figuur 12: De gemiddelde maximale druk die nodig was om een rietstengel te breken in Newton (met \pm std. fout en significantie letters). De maximale druk is weergegeven voor twee verschillende daktypes, gebonden en geschroefde dakconstructies.

Tussen de daken zijn grote verschillen zichtbaar in maximale druk. Riet van dak 3 was het sterkste. Dit dak verschilde echter alleen significant met dak 7 en 9. Het riet van dak 9 was het zwakste. Dit dak verschilt significant met dak 1, 3, 6, 7 en 8. De rietstengels van schoon riet dat nooit op het dak heeft gelegen (dak 0) hadden gemiddeld 5 Newton nodig om te breken maar verschilde niet significant met andere daken (figuur 13). Van dak 10 was er niet genoeg materiaal om de test uit te voeren.



Figuur 13: De gemiddelde maximale druk die nodig was om een rietstengel te breken in Newton (met \pm std. fout en significantie letters). De maximale druk is weergegeven per dak. Hierbij bestaat dak 0 uit schoon riet dat nooit op het dak heeft gelegen.

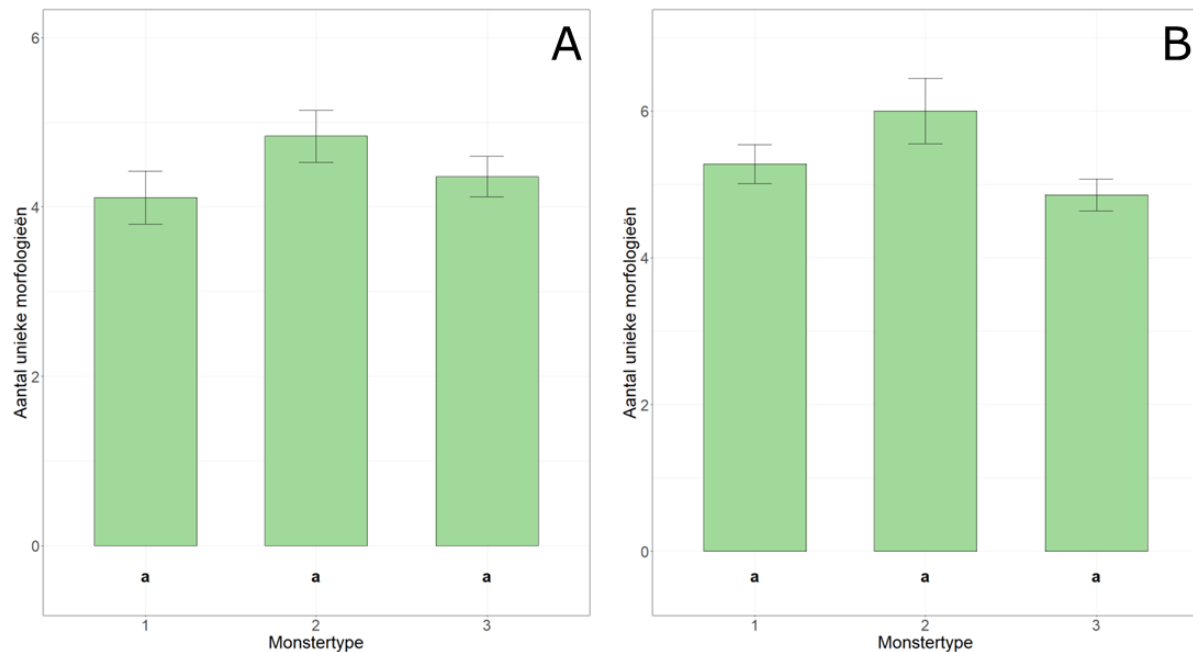
Gedroogd schoon riet was significant sterker dan ongedroogd schoon riet (figuur 14).



Figuur 14: De gemiddelde maximale druk die nodig was om een rietstengel te breken in Newton (met \pm std. fout en significantie letters). Dit is weergegeven voor ongedroogd schoon riet en gedroogd schoon riet.

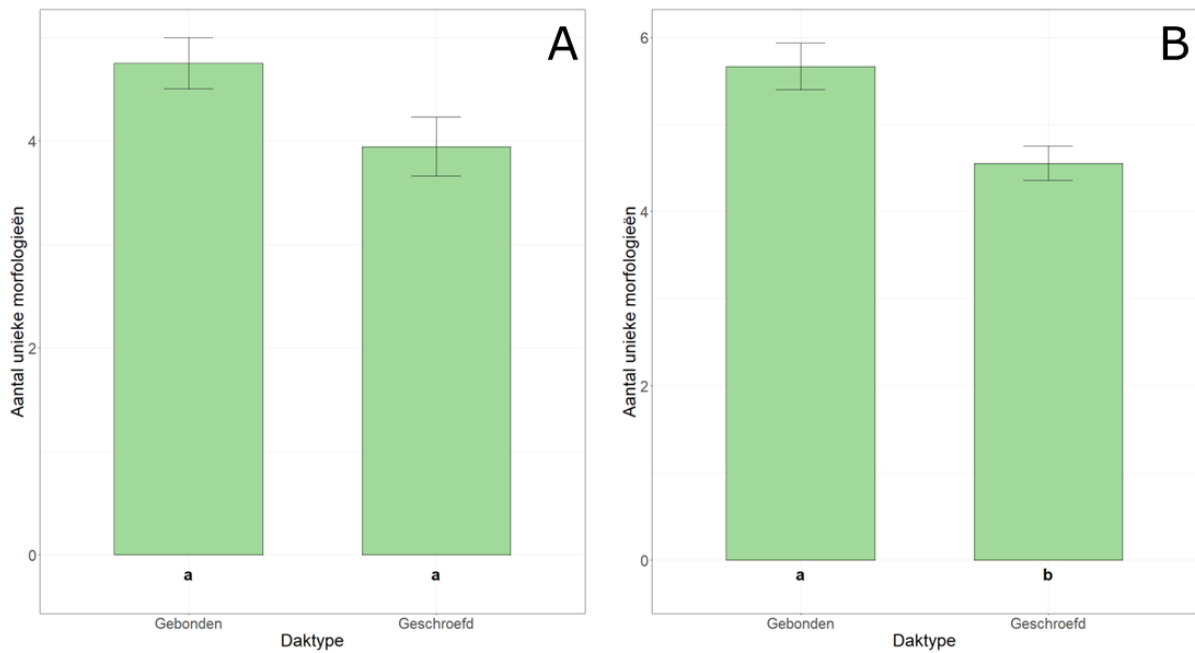
3.4. Aantal schimmel- en bacteriemorfologieën op voedingsbodems

Er is geen significant verschil gevonden in het aantal unieke schimmel- en bacteriemorfologieën tussen het onaangetaste riet van het dak, de rand van de schimmelplek en de kern van de schimmelplek ($p > 0,05$). De tellingen zijn apart uitgevoerd op malt extract agar (MEA) en op nutriënt agar (NA) (figuur 15).



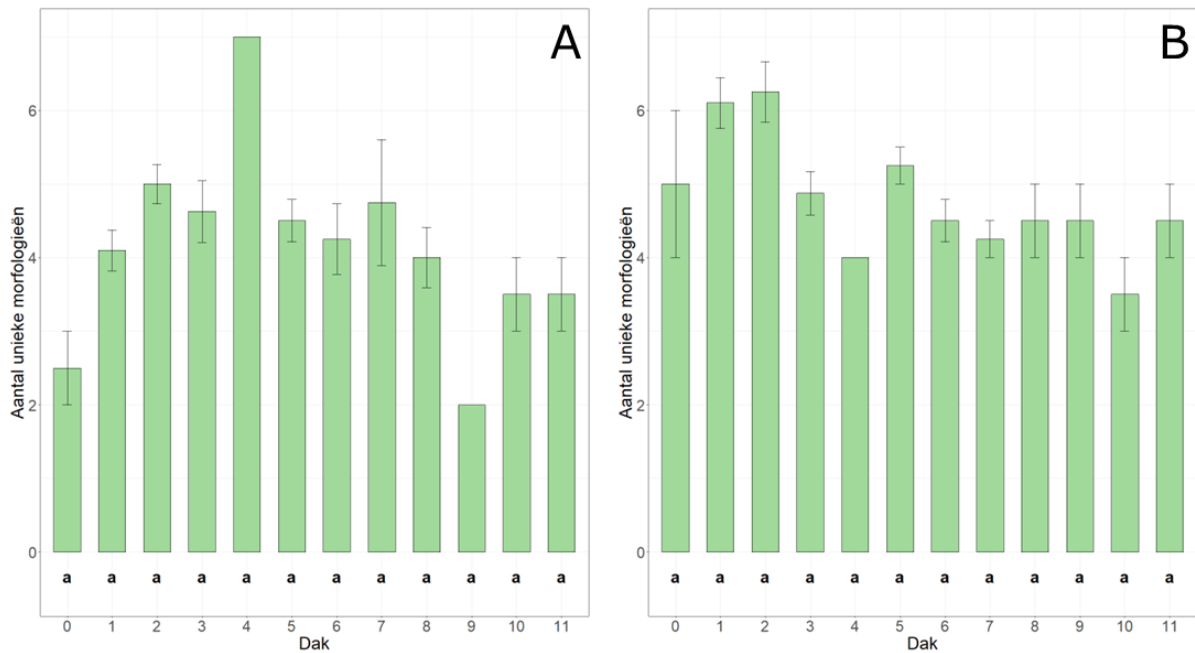
Figuur 15: Het gemiddeld aantal unieke schimmel- en bacteriemorfologieën, geteld op de monsters van onaangetast riet, rand van de schimmelplek en de kern van de schimmelplek (met \pm std. fout en significantie letters). Deze zijn weergegeven als monstertype 1, 2 en 3. De morfologieën zijn gegroeid op malt extract agar (MEA, links, A) en nutriënt agar (NA, rechts, B).

Er is geen significant verschil aangetoond in het aantal getelde unieke schimmel- en bacterie morfologieën op MEA, tussen gebonden en geschroefde daken. Op NA zijn significant meer unieke morfologieën gevonden op gebonden daken, dan op geschroefde daken (figuur 16).



Figuur 16: Het gemiddeld aantal unieke schimmel- en bacteriemorfologieën (met \pm std. fout en significantie letters), geteld op MEA (links, A) en NA (rechts, B). Het aantal is weergegeven voor twee verschillende daktypes, gebonden en geschroefde dakconstructies.

Er is geen significant verschil aangetoond in het aantal unieke schimmel- en bacteriemorfologieën tussen de verschillende daken. De tellingen zijn apart uitgevoerd op MEA en op NA. Op MEA zijn op dak 4 en 10 bij beide tellingen hetzelfde aantal morfologieën geteld. Dit geldt ook voor dak 4 op NA (figuur 17). Hierdoor is er geen standaardfout weergegeven.



Figuur 17: Het gemiddeld aantal unieke schimmel- en bacteriemorfologieën (met \pm std. fout en significantie letters), geteld op de verschillende daken. De morfologieën zijn gegroeid op MEA (links, A) en NA (rechts, B). Hierbij is dak nul schoon riet dat nooit op het dak heeft gelegen.

3.5. Samenstelling schimmelcategorieën

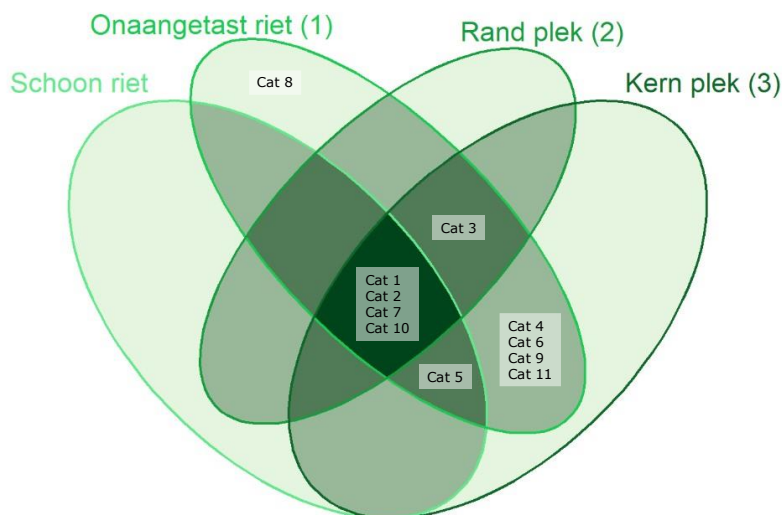
De schimmels zijn in 11 categorieën verdeeld op basis van hun morfologische eigenschappen (bijlage 4). Schimmelcategorie 2 kwam voor op elk genomen monster. Categorie 1 kwam voor op bijna alle monsters. Categorieën 8 en 9 kwamen sporadisch voor (tabel 2).

Tabel 2: De categorieën die gegroeid zijn op de monsters. Deze categorieën zijn ingedeeld op basis van morfologie. In de tabel is zichtbaar wat het monstertype was en van welk dak deze afkomstig waren. Met groen is aangegeven wanneer de categorie aanwezig was. Categorieën worden aangeduid met 'Cat' en het nummer.

Monstertype	Dak	Cat 1	Cat 2	Cat 3	Cat 4	Cat 5	Cat 6	Cat 7	Cat 8	Cat 9	Cat 10	Cat 11
Schoon	0	■	■			■		■			■	
1	1	■	■		■							
1	2	■	■		■	■	■	■			■	
1	3	■	■				■			■	■	■
1	3	■	■			■		■			■	
1	5	■	■	■	■				■	■		■
1	6	■	■			■				■		■
1	7	■	■			■	■		■		■	

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

Categorieën 1, 2, 7 en 10 kwamen op alle monstertypen en op schoon riet voor. Categorieën 4, 6, 9 en 11 kwamen voor op onaangetast riet en de kern van een schimmelplek. Categorie 3 kwam voor op onaangetast riet, de rand en de kern van een schimmelplek. Categorie 5 kwam voor op schoon riet, onaangetast riet en de kern van een schimmelplek. Categorie 8 kwam enkel voor op onaangetast riet (figuur 18).

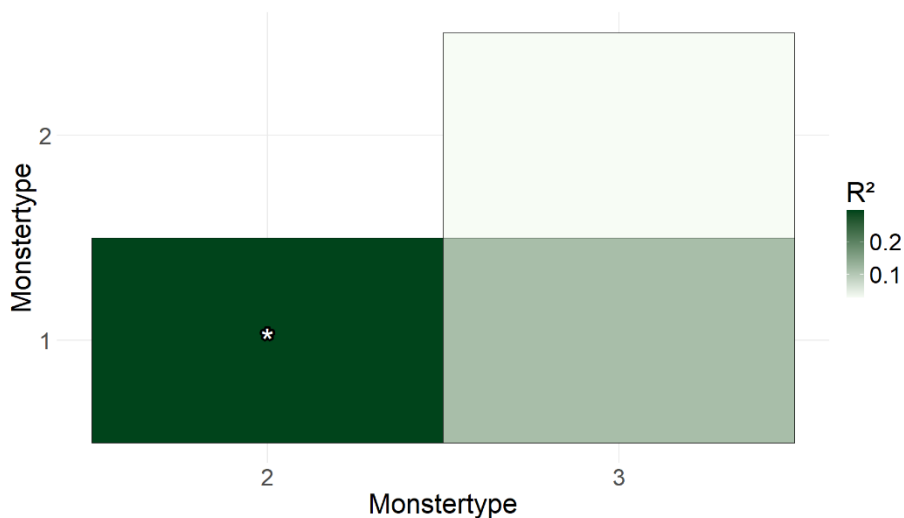


Aantal overlappende monstertypen: 1 ■ 2 ■ 3 ■ 4

Figuur 18: Venndiagram met de categorieën per monstertype. Tekst met cijfers tussen haakjes geven de monstertypen aan. De kleuren geven het aantal overlappende monstertypen aan, de

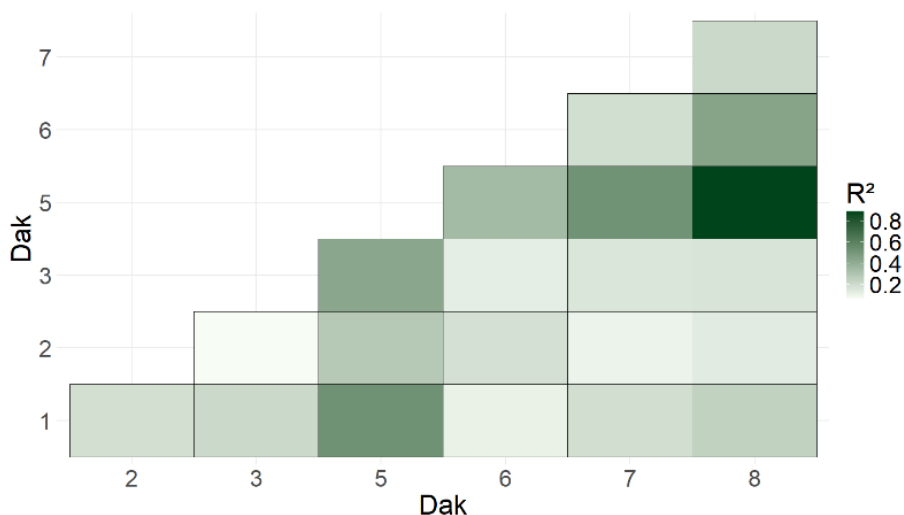
lichtste kleur bevat 1 monstertype, de donkerste kleur bevat alle 4 de monstertypen. Categorieën die voorkomen in de verschillende monstertypen worden aangeduid met 'Cat' en het nummer.

Onaangetast riet en riet van de rand van de schimmelplek verschillen significant ($p < 0,05$) in de samenstelling van schimmelcategorieën aangetroffen op de voedingsbodems met stukken riet (figuur 19). Geen verschillen zijn gevonden tussen onaangetast riet en riet van de schimmelplek en tussen riet van de rand van de schimmelplek en de kern.



Figuur 19: Heatmap van de gevonden categorieën op de monstertypen. Asterisk (*) geeft significant verschil aan ($p < 0,05$). Hogere R^2 geeft grotere verschillen in samenstelling tussen monstertypen aan.

Er zijn geen significante verschillen gevonden in de samenstelling van schimmelcategorieën tussen de gebonden en geschroefde daktypes. Ook zijn er geen significante verschillen in de samenstelling van de schimmelcategorieën tussen de daken. De vergelijking tussen dak 5 en dak 8 heeft een hoge R^2 , wat aangeeft dat de samenstellingen maar beperkt overeenkomen (figuur 20).



Figuur 20: Heatmap van de gevonden categorieën op de daken. Asterisk (*) geeft significant verschil aan ($p < 0,05$). Hogere R^2 geeft grotere verschillen in samenstelling tussen daken aan.

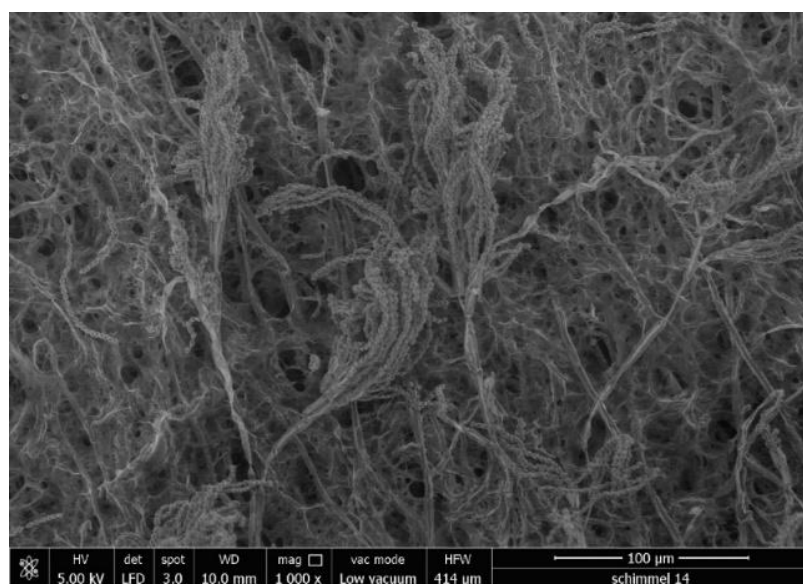
3.6. Gevonden schimmelgeslachten en -soorten

Op basis van de uitgelijnde sequenties verkregen uit de barcoding zijn de reïnculturen geïdentificeerd met behulp van BLAST (bijlage 9). De meest waarschijnlijke identificatie is weergegeven (tabel 3), uit BLAST resultaten kwamen ook andere potentiële identificaties (bijlage 10). Bij het geel/oranje pluis (nummer 21 en 22) en de vruchtlichamen (nummer 23 en 24) was geen identificatie mogelijk. Bij reïncultuur nummer 14 was geen identificatie op basis van DNA mogelijk, maar met behulp van koloniemorfologie en SEM afbeeldingen kon het geslacht vastgesteld worden (figuur 21). Reïncultuur nummer 18 kon enkel op basis van de ITS4 sequentie geïdentificeerd worden. Nummer 20 is een controle, deze reïncultuur was niet afkomstig van het riet. Van alle reïnculturen zijn afbeeldingen gemaakt met de stereomicroscoop, doorvallend-lichtmicroscoop en SEM (bijlage 11).

Tabel 3: Identificatienummer van de schimmel, geïdentificeerde naam, zekerheidspercentage en percentage query cover op basis van de uitgelijnde sequentie. Bij identificatie op enkel geslacht is geen zekerheid of query cover ingevuld. Identificatie met * bevat twee namen, dit zijn synoniemen voor dezelfde soort. Identificatie met ** is op basis van microscopische/SEM eigenschappen vastgesteld. Identificatie met *** is op basis van de ITS4 sequentie vastgesteld.

Identificatienummer	Categorie	Identificatie	Zekerheid (%)	Query cover (%)
1	10	<i>Mucor</i> cf. <i>brunneogriseus</i> / <i>Mucor</i> cf. <i>plumbeus</i> *	99,44	96
2	5	<i>Rhizopus azygosporus</i>	100,00	100
3	5	<i>Mucor hiemalis</i>	99,82	98
4	9	<i>Umbelopsis</i> sp.	-	-
5	7	<i>Mortierella rishikesha</i>	99,29	100

6	8	<i>Didymella cf. prosopidis</i>	99,79	100
7	8	<i>Pestalotiopsis sp.</i>	-	-
8	2	<i>Trichoderma atroviride</i>	100,00	100
9	2	<i>Trichoderma sp.</i>	-	-
10	3	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,89	82
11	3	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,67	82
12	1	<i>Penicillium cf. citreosulfuratum</i>	99,60	100
13	1	<i>Penicillium cf. citreonigrum</i>	99,60	100
14	1	<i>Penicillium sp.**</i>	-	-
15	11	<i>Penicillium cf. expansum</i>	99,61	100
16	11	<i>Cladosporium sp.</i>	-	-
17	4	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,68	83
18	4	<i>Umbelopsis cf. brunnea***</i>	96,71	98
19	6	<i>Mucor circinelloides</i>	99,64	100
20	-	<i>Pleurotus ostreatus</i>	98,82	98
21	-	-	-	-
22	-	-	-	-
23	-	-	-	-
24	-	-	-	-
25	3	<i>Umbelopsis brunnea</i>	98,89	82



Figuur 21: SEM afbeelding van sporenvormende lichamen van schimmel 14. De sporenvormende lichamen zijn penseelvormig, typerend voor schimmels van het geslacht *Penicillium*.

De geïdentificeerde soorten zijn taxonomisch in te delen in vier stammen: Mucoromycota, Mortierellomycota, Ascomycota en Basidiomycota. Onder Basidiomycota valt enkel de gewone oesterzwam (*Pleurotus ostreatus*). Dit is de controleschimmel en niet afkomstig van de rieten daken.

Er zijn negen verschillende families aangetroffen op de daken. De meerderheid van de gevonden soorten zijn saprofytisch (tabel 4).

Tabel 4: Overzicht van de geïdentificeerde schimmels en hun taxonomische indeling, waarbij de indeling van links naar recht steeds specifieker wordt, van bredere groepen tot op soortniveau (Westerdijk Fungal Biodiversity Institute et al., z.d.). De kleuren geven de levenswijzen aan (zie legenda onder in de tabel).

Rijk	Stam	Klasse	Orde	Familie	Geslacht en soort
Fungi	Mucoromycota	Mucoromycetes	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor cf. brunneogriseus</i> ^{8, 10}
					<i>Mucor hiemalis</i> ^{8, 10}
				Rhizopodaceae	<i>Rhizopus azygosporus</i> ²
		Umbelopsidomycetes	Umbelopsidales	Umbelopsidaceae	<i>Umbelopsis brunnea</i> ⁸
					<i>Umbelopsis cf. brunnea</i> ⁸
					<i>Umbelopsis sp.</i> ⁸
	Mortierellomycota	Mortierellomycetes	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella rishiksha</i> ³
	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Didymellaceae	<i>Didymella cf. prosopidis</i> ⁶
			Cladosporiales	Cladosporiaceae	<i>Cladosporium sp.</i> ⁵
		Sordariomycetes	Amphisphaeriales	Pestalotiopsidaceae	<i>Pestalotiopsis sp.</i> ¹¹
			Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Trichoderma atroviride</i> ⁷
					<i>Trichoderma sp.</i> ⁷
		Eurotiomycetes	Eurotiales	Aspergillaceae	<i>Penicillium cf. citreosulfuratum</i> ¹
	<i>Penicillium cf. citreonigrum</i>				
	<i>Penicillium sp.</i> ⁹				
	<i>Penicillium cf. expansum</i> ¹				
	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	Pleurotaceae	<i>Pleurotus ostreatus</i> ⁴

Legenda: kleuren en bijbehorende levenswijze	
Saprofytisch	Breken dood organisch materiaal af
Parasitair	Breken levend plantmateriaal af
Symbiotroof	Symbiotische relatie met levende organismen
Saprofytisch-symbiotroof	Zowel saprofytisch als symbiotroof
Saprofytisch-parasitair	Zowel saprofytisch als parasitair
Onbekend	

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

Vrijwel alle geslachten die gevonden zijn met barcoding, zijn ook aangetroffen met behulp van metabarcoding, enkel het geslacht *Pestalotiopsis* niet (bijlage 12). Zeventien geslachten zijn op meer

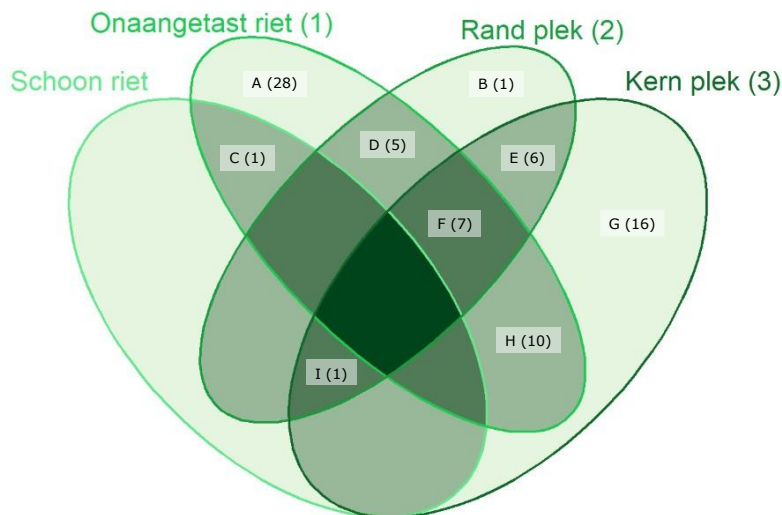
dan twee monsters aangetroffen (tabel 5). Van sommige geslachten is een enkele soort gevonden. Dit zijn de soorten *Coniophora puteana*, *Fuscoporia contigua*, *Kockovaella prillingeri*, *Niesslia exilis* en *Phaeostalagmus cyclosporus*.

Tabel 5: Geslachten die minstens drie keer zijn aangetroffen op het riet met metabarcoding met daarbij op welke monstertype deze voorkwamen. Hierbij was monstertype 1 onaangetast riet, monstertype 2 was riet van de rand van de schimmelplek en monstertype 3 was de kern van de schimmelplek. 'Schoon riet' is riet dat nooit op het dak heeft gelegen.

Geslacht	Schoon riet	Onaangetast riet (1)	Rand schimmelplek (2)	Kern schimmelplek (3)
<i>Acremonium</i>				
<i>Aspergillus</i>				
<i>Coniochaeta</i>				
<i>Coniophora</i>				
<i>Fellomyces</i>				
<i>Fuscoporia</i>				
<i>Kockovaella</i>				
<i>Mortierella</i>				
<i>Mucor</i>				
<i>Naganishia</i>				
<i>Niesslia</i>				
<i>Penicillium</i>				
<i>Phaeostalagmus</i>				
<i>Rhizopus</i>				
<i>Sordaria</i>				
<i>Trichoderma</i>				
<i>Umbelopsis</i>				

3.7 Samenstelling schimmelgeslachten metabarcoding

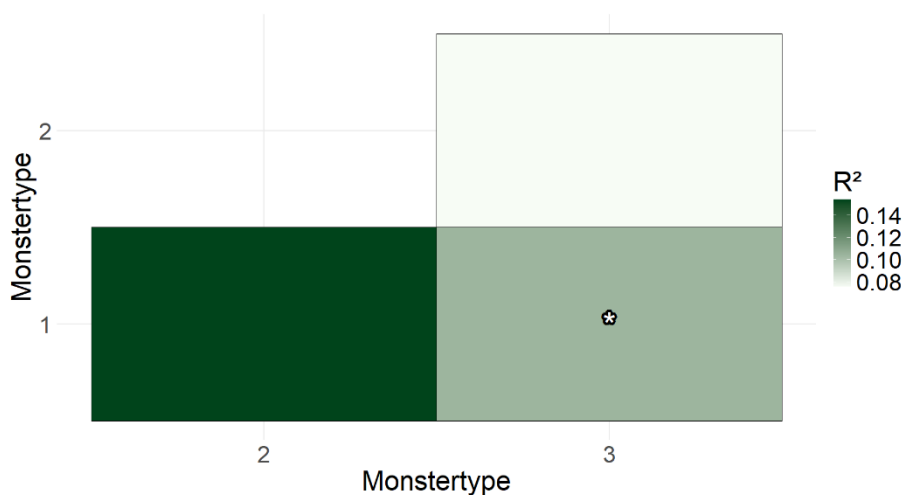
Van de gevonden geslachten bij de metabarcoding zijn er 28 geslachten enkel aangetroffen op onaangetast riet. Enkel op de rand van een schimmelplek is 1 geslacht gevonden, in de kern van de schimmelplek zijn 16 geslachten aangetroffen (figuur 22, bijlage 13).



Aantal overlappende monstertypen: 1 2 3 4

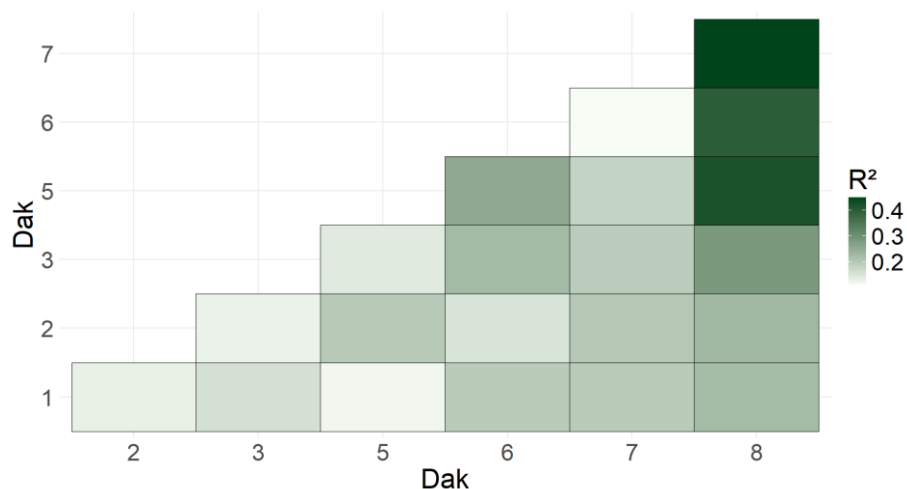
Figuur 22: Venndiagram met de geslachten per monstertype. Tekst met cijfers tussen haakjes geven de monstertypen aan. De kleuren geven het aantal overlappende monstertypen aan, de lichtste kleur bevat 1 monstertype, de donkerste kleur bevat alle 4 de monstertypen. De groepen geslachten zijn aangeduid met A tot I, het aantal geslachten binnen deze groep staat tussen haakjes aangegeven.

Onaangetast riet en riet uit de kern van de schimmelplek verschillen significant ($p < 0,05$) in de samenstelling van schimmelgeslachten verkregen uit metabarcoding (figuur 23). Geen verschillen zijn gevonden tussen onaangetast riet en riet uit de rand van de schimmelplek en tussen riet uit de rand van de schimmelplek en de kern van de schimmelplek.



Figuur 23: Heatmap van de gevonden geslachten op de monstertypen. Asterisk (*) geeft significant verschil aan ($p < 0,05$). Hogere R^2 geeft grotere verschillen in samenstelling tussen daktypen aan.

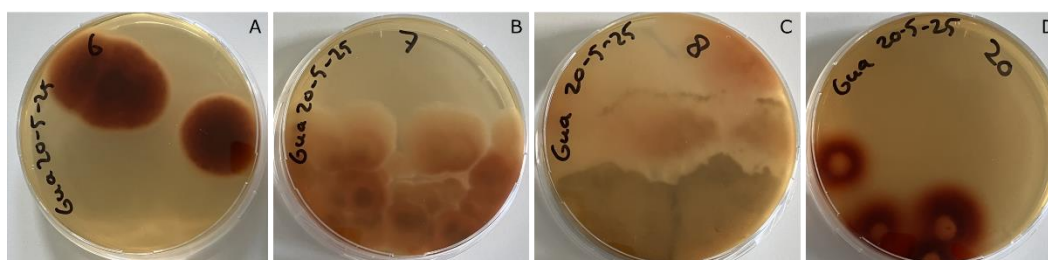
Er zijn geen significante verschillen gevonden in de samenstelling van schimmelgeslachten tussen de gebonden en geschroefde daktypes. Ook zijn er geen significante verschillen gevonden in de samenstelling van schimmelgeslachten tussen de daken (figuur 24).



Figuur 24: Heatmap van de gevonden geslachten op de daken. Asterisk (*) geeft significant verschil aan ($p < 0,05$). Hogere R^2 geeft grotere verschillen in samenstelling tussen daktypen aan.

3.8. Afbraakvermogen gevonden schimmels

Didymella cf. prosopidis, *Pestalotiopsis sp.*, *Trichoderma atroviride* en de positieve controle *Pleurotus ostreatus* toonden verkleuring op de enzymplaten voor lignineafbraak (figuur 25). Bij de overige geïdentificeerde reïnculturen was dit niet het geval (bijlage 14). De enzymplaten voor de afbraak van cellulose en hemicellulose toonden geen verkleuringen. Uit literatuur is gebleken dat de geslachten *Mucor*, *Cladosporium*, *Pestalotiopsis*, *Trichoderma*, *Penicillium* en *Pleurotus*, die zijn aangetoond bij de barcoding, lignine en hemicellulose kunnen afbreken. Cellulose kan worden afgebroken door dezelfde geslachten en ook door *Rhizopus* (tabel 6).



Figuur 25: Enzymplaten met guaiacol voor de aantoning reïnculturen die lignine afbreken. De roodbruine verkleuring duidt de aanwezigheid van de enzymen aan. Van links naar rechts reïncultuur nummer *Didymella cf. prosopidis* (A), *Pestalotiopsis sp.* (B), *Trichoderma atroviride* (C) en *Pleurotus ostreatus* (D). *Pleurotus ostreatus* is de positieve controle, de gewone oesterzwam.

Tabel 6: Afbraakvermogen van de gevonden schimmels met barcoding op basis van literatuur en enzymplaat voor lignineafbraak. Als 'Ja' is ingevuld, bleek uit literatuur of uit dit onderzoek dat de schimmel het kon afbreken. Als 'Nee' is ingevuld, bleek dat de schimmel het niet kon afbreken. Als '-' is ingevuld, is er geen literatuur gevonden. Als 'Mogelijk' is ingevuld, bleek dat sommige soorten binnen het geslacht het konden afbreken, maar het is onduidelijk of dit van toepassing is op de gevonden reïncultuur.

Schimmel	Lignine enzymplaat	Lignine-afbraak	Cellulose-afbraak	Hemicellulose-afbraak	Bronnen
<i>Mucor</i> cf. <i>brunneogriseus</i>	Nee	-	Ja	-	(Tallapragada, 2012)
<i>Mucor hiemalis</i>	Nee	Ja	Ja	Ja	(Al Mousa, Abo-Dahab, et al., 2022; Al Mousa, Hassane, et al., 2022; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Mucor circinelloides</i>	Nee	Ja	Ja	Ja	(Al Mousa, Abo-Dahab, et al., 2022; Al Mousa, Hassane, et al., 2022; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Rhizopus azygosporus</i>	Nee	-	Ja	-	(Khoirunnisa et al., 2020)
<i>Umbelopsis brunnea</i>	Nee	-	-	-	
<i>Umbelopsis</i> cf. <i>brunnea</i>	Nee	-	-	-	
<i>Umbelopsis</i> sp.	Nee	-	-	-	
<i>Mortierella rishikesha</i>	Nee	-	-	-	
<i>Didymella</i> cf. <i>prosopidis</i>	Ja	-	-	-	
<i>Cladosporium</i> sp.	Nee	Mogelijk	Mogelijk	Mogelijk	(Bonugli-Santos et al., 2010; Hong et al., 2011; Zyani et al., 2009)
<i>Pestalotiopsis</i> sp.	Ja	Mogelijk	Mogelijk	Mogelijk	(Chen et al., 2011; Goukanapalle et al., 2020; Hao et al., 2007; Koh et al., 2021; Yadav et al., 2019)
<i>Trichoderma atroviride</i>	Ja	Ja	Ja	Ja	(Grigorevski-Lima et al., 2013; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Trichoderma</i> sp.	Nee	Mogelijk	Mogelijk	Mogelijk	(Grigorevski-Lima et al., 2013; Kiiskinen et al., 2004)

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

Van de geslachten *Fellomyces*, *Kockovaella*, *Niesslia*, *Phaeostalagmus* en *Umbelopsis*, die gevonden zijn met metabarcoding, is in de literatuur geen bewijs gevonden of dat deze wel of niet in staat zijn om lignine, cellulose of hemicellulose kan afbreken (tabel 7). Van het geslacht *Fuscoporia* is geen direct bewijs gevonden of dat deze schimmels lignine kunnen afbreken, wel staan deze schimmels bekend als witrotschimmels.

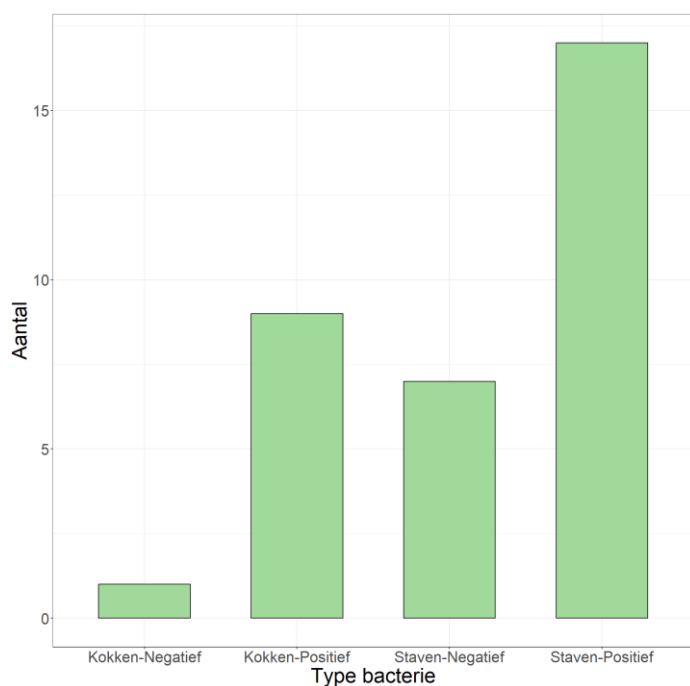
Tabel 7: Afbraakvermogen van de gevonden geslachten, die minstens drie keer zijn aangetoond met de metabarcoding, op basis van literatuur en enzymplaat voor lignineafbraak. Als 'Ja' is ingevuld, bleek uit literatuur of uit dit onderzoek dat de schimmel het kon afbreken. Als 'Nee' is ingevuld, bleek dat de schimmel het niet kon afbreken. Als '-' is ingevuld, is er geen literatuur gevonden. Geslachten met * staan bekend als aantastende schimmels, maar er is geen literatuur over enzymproductie gevonden.

Geslacht	Lignine-afbraak	Cellulose-afbraak	Hemicellulose-afbraak	Bronnen
<i>Acremonium</i>	Ja	Ja	Ja	(Iqlima et al., 2024; Kishishita et al., 2014)
<i>Aspergillus</i>	Ja	Ja	Ja	(Li et al., 2020; Richhariya et al., 2020; Tallapragada, 2012)
<i>Coniochaeta</i>	Ja	Ja	Ja	(Jiménez et al., 2020; Ravindran et al., 2012)
<i>Coniophora</i>	Ja	Ja	Ja	(Irbe et al., 2014; Lee et al., 2004)
<i>Fellomyces</i>	-	-	-	
<i>Fuscoporia</i> *	Mogelijk	Mogelijk	Mogelijk	(Kim et al., 2024; Palla et al., 2023)
<i>Kockovaella</i>	-	-	-	
<i>Mortierella</i>	Ja	Ja	Ja	(Lisov et al., 2021; Wang et al., 2022)
<i>Mucor</i>	Ja	Ja	Ja	(Al Mousa, Abo-Dahab, et al., 2022; Al Mousa, Hassane, et al., 2022;

				Kiiskinen et al., 2004; Tallapragada, 2012)
<i>Naganishia</i>	Ja	Ja	Ja	(Moodley & Botes, 2025; Morosoli et al., 1989; Wiśniewska et al., 2021)
<i>Niesslia</i>	-	-	-	
<i>Penicillium</i>	Ja	Ja	Ja	(Djokić et al., 2024; Yang et al., 2009; Zyani et al., 2009)
<i>Phaeostalagmus</i>	-	-	-	
<i>Rhizopus</i>	Ja	Ja	Ja	(Ezeilo et al., 2020; Khoirunnisa et al., 2020; More et al., 2011; Tian et al., 2019)
<i>Sordaria</i>	Ja	Ja	Ja	(Ansari et al., 2022; Chen et al., 2024; X. Yang et al., 2020)
<i>Trichoderma</i>	Ja	Ja	Ja	(Grigorevski-Lima et al., 2013; Kiiskinen et al., 2004)
<i>Umbelopsis</i>	-	-	-	

3.9. Gevonden bacteriesoorten

Op de geselecteerde isolaten zijn vier verschillende types bacteriën gevonden. Gram positieve staven kwamen het meeste voor, gram negatieve kokken het minste (figuur 26). Een isolaat bleek een schimmel te zijn in plaats van een bacterie (tabel 8).



Figuur 26: Het aantal type bacteriën. Deze types bestaan uit de vorm van de bacterie en of dat deze gram negatief of positief zijn.

Tabel 8: Vorm- en grambeplating per onderzochte bacterie. Identificatienummer 4 was geen bacterie maar een schimmel.

Identificatienummer	Categorie	Vorm	Gramresultaat
1	12	Kokken	Positief
2	12	Staven	Positief
3	13	Staven	Positief
4	14	-	-
5	15	Staven	Positief
6	16	Staven	Positief
7	17	Staven	Positief
8	17	Staven	Positief
9	17	Kokken	Positief
10	17	Staven	Positief
11	18	Staven	Positief
12	19	Staven	Positief
13	19	Staven	Positief
14	20	Staven	Negatief
15	20	Kokken	Positief
16	21	Staven	Positief
17	21	Kokken	Positief
18	21	Staven	Positief

19	22	Kokken	Positief
20	22	Kokken	Positief
21	23	Staven	Positief
22	23	Staven	Positief
23	24	Staven	Positief
24	24	Staven	Positief
25	25	Kokken	Positief
26	25	Staven	Negatief
27	25	Kokken	Negatief
28	25	Staven	Positief
29	26	Kokken	Positief
30	27	Staven	Negatief
31	27	Staven	Negatief
32	28	Staven	Negatief
33	28	Staven	Negatief
34	29	Kokken	Positief
35	29	Staven	Negatief

4. Discussie en conclusie

Uit dit onderzoek is gebleken dat een groep witrotschimmels rieten daken aantast. Hierin is een successie te vinden, enkele soorten starten de aantasting en andere soorten nemen het over. De schimmelplekken op daken bevatten geeloranje mycelium en vruchtlichamen, zeer waarschijnlijk afkomstig van de witrotschimmel *Fuscoporia contigua*. Door de schimmelaantasting neemt de stevigheid van het riet af.

De samenstelling van de schimmels en de uiterlijke kenmerken van het riet vertoonden duidelijke verschillen naarmate de aantasting toenam. Op onaangetast riet werd een grotere diversiteit aan unieke schimmelgeslachten gevonden dan in de kern van een schimmelplek, met respectievelijk 28 en 16 unieke geslachten. Tien geslachten en vier soorten kwamen voor op zowel onaangetast riet als op de kern van de schimmelplek. Daarnaast kwamen zeven geslachten ook voor op de rand van een schimmelplek. Op onaangetast riet werden unieke schimmelsoorten gevonden die lignocellulose (lignine, cellulose en hemicellulose) kunnen afbreken. Ook veranderde het uiterlijk van het riet zichtbaar met de mate van aantasting. Zo kwamen vruchtlichamen uitsluitend in de kern van schimmelplekken voor, terwijl pluis en microscopische stekelstructuren zowel in de rand als in de kern aanwezig waren. Aangetast riet toonde een witte, vezelige structuur die scherp contrasteerde met het stevige, geelgekleurde riet uit onaangetaste delen van het dak. Sporen werden aangetroffen in alle locaties op het dak. De stevigheid van het riet nam af naarmate de aantasting toenam: riet uit de kern van een schimmelplek bleek duidelijk minder stevig dan riet uit onaangetaste delen van het dak.

De schimmeldiversiteit verschilde tussen onaangetast riet en de kern van een schimmelplek. In totaal zijn van de daken en op schoon riet (dat niet op een dak heeft gelegen) zeventien schimmelgeslachten en -soorten geïdentificeerd vanuit reïnculturen met behulp van barcoding. Hiervan konden acht geslachten en soorten (een deel van) lignocellulose kunnen afbreken. Op het onaangetaste riet zijn alle zeventien schimmelsoorten gevonden. Op basis van literatuur en de enzymplaten is bepaald dat zes gevonden soorten onder de witrotschimmels (lignocellulose afbraak) vallen en twee gevonden soorten onder de bruinrot schimmels (enkel cellulose en hemicellulose) (Goodell et al., 2008; Goud et al., 2011; Schwarze, 2007). De enzymplaten voor lignine gaven duidelijke resultaten met de positieve controle en de geteste reïnculturen, de andere twee soorten enzymplaten gaven geen resultaat. Om voor de barcoding zo veel mogelijk informatie te behouden is gekozen voor het gebruik van uitgelijnde sequenties. De accuraatheid van de identificatie kan benadeeld zijn doordat de keuze is gemaakt om de primers in de uitgelijnde sequenties te houden. Echter is door behoud van de primer-sequenties verlies van informatie voorkomen (MacManes, 2014; Mohsen et al., 2019).

Alle geslachten, die met barcoding waren geïdentificeerd, bevatten soorten die lignocellulose kunnen afbreken (Bonugli-Santos et al., 2010; Goukanapalle et al., 2020; Grigorevski-Lima et al., 2013; Hong et al., 2011; Kiiskinen et al., 2004; Koh et al., 2021; Wang et al., 2012; Yang et al., 2009; Zyani et al., 2009). Twee van deze soorten kwamen enkel voor op onaangetast riet, *Didymella* cf. *prosopidis* en *Pestalotiopsis* sp. Het geslacht *Pestalotiopsis* bevat soorten die in staat zijn om hemicellulose, lignine of cellulose af te breken (Goukanapalle et al., 2020; Hong et al., 2011; Koh et al., 2021). De afbraakcapaciteit van *D. cf. prosopidis* is niet beschreven in de literatuur, andere soorten (*D. bryoniae* en *Didymella* spp.) staan wel bekend om het lignocellulose-afbrekend vermogen. In dit onderzoek is met behulp van enzymplaten die de afbraak van lignine aantonen bewezen dat de geïsoleerde *D. cf. prosopidis* lignine af kan breken. De meerderheid van de gevonden schimmels leeft saprofytisch, wat inhoudt dat ze in de natuur dood plantmateriaal afbreken.

Van de geslachten die zijn geïdentificeerd met behulp van metabarcoding, zijn zeventien geslachten minimaal drie keer aangetroffen. Twaalf van deze geslachten zijn in staat om lignocellulose af te breken. Geen van de geslachten die enkel voorkwamen op onaangetast riet of enkel in de kern van de schimmelplek zijn riet-aantastende schimmels. Alle geslachten met uitzondering van *Aspergillus* zijn aangetroffen in de kern van een schimmelplek. *Aspergillus* was alleen aanwezig op schoon en onaangetast riet. Het geslacht *Acremonium* is enkel aangetroffen op de rand en in de kern van een schimmelplek. Op schoon riet is ook het geslacht *Fuscoporia* aangetroffen, specifiek *Fuscoporia contigua*. Een aantal geslachten zijn minimaal drie keer gevonden op onaangetast riet en in de kern van een schimmelplek, maar niet op de rand. Dit is te verklaren doordat er slechts drie monsters uit de rand beschikbaar waren. Twee van de gevonden aantastende geslachten produceren vruchtlichamen, namelijk *Coniophora puteana* en *Fuscoporia contigua* (NDFV Verspreidingsatlas, z.d.). *F. contigua* produceert mycelium met een witte tot bruine kleur die veel setae (stekelvormige cellen) en bruine vruchtlichamen met veel poriën bevat (Huckfeldt & Schmidt, 2006; Naturalis Biodiversity Center, z.d.).

Op riet afkomstig uit de kern van schimmelplekken zijn vruchtlichamen gevonden. Deze vruchtlichamen waren bruin van kleur en bevatten veel poriën. Ook is zowel in de kern als op de rand van schimmelplekken geeloranje pluis aangetroffen. Op alle locaties van daken zijn sporen gevonden. Deze sporen waren niet aanwezig op schoon riet wat nog niet op het dak heeft gelegen. Zowel de vruchtlichamen als het pluis bevatten veel setae, die vaak voorkomen bij houtaantastende schimmels (Pinho et al., 2012; Polemis et al., 2013; Silveira et al., 2008). Het is zeer waarschijnlijk dat de vruchtlichamen en het pluis (mycelium) afkomstig zijn van *F. contigua*, een bekende witrotschimmel (Kim et al., 2024; Palla et al., 2023; Rijksdienst voor het Cultureel Erfgoed, 2024). Riet afkomstig uit de kern en de rand van schimmelplekken vertoonden een zachte vezelige structuur en een witte kleur. Dit zijn typische symptomen voor aantasting door witrotschimmels (Goodell et al., 2008; Goud et al., 2011; Martínez et al., 2005). Op bijna alle daken is deze structuur en dus witrot aangetroffen.

Onaangetast riet was steviger dan aangetast riet. Dit kan komen doordat de aantasting lignocellulose in het riet afbreekt. Lignocellulose bevindt zich in de celwanden en speelt een grote rol bij de stevigheid van plantmateriaal (Somerville et al., 2004). Als het (deels) wegvalt, verliest het materiaal de stevigheid en zal het minder tegendruk geven. Tussen de daken was ook een verschil in stevigheid gevonden. Dit kan komen door invloeden van de zon, schaduw en de leeftijd van het riet. Schoon riet, aangeleverd om op het dak te leggen, was vrij slap. Na een periode in de droogstoof werd dit riet steviger. Dit komt overeen met bevindingen uit een ander onderzoek, waaruit is gebleken dat het drogen van riet de stevigheid verhoogt zolang de temperatuur niet te hoog is (Doddall et al., 2015). Het verschil in stevigheid kan worden verklaard doordat het riet mogelijk nog niet volledig droog was, waardoor het flexibeler bleef. Na het verwijderen van het laatste vocht werd het riet harder en minder flexibel. Van sommige daken waren enkel monsters uit de kern van een schimmelplek aanwezig, waardoor van deze daken geen onaangetast materiaal geanalyseerd kon worden. Van één dak was te weinig materiaal om de stevigheid te bepalen.

Er was verschil in schimmelsamenstelling tussen de verschillende monstertypen. Zo bevatte onaangetast riet twee aantasters (*D. cf. prosopidis* en *Pestalotiopsis* sp.) die niet aangetroffen zijn op de andere monsters. De aantaster *Aspergillus* is enkel aangetroffen op schoon en onaangetast riet. Daarentegen kwam de aantaster *Acremonium* alleen voor in schimmelplekken. Dit kan worden verklaard door een successieproces, waarbij sommige soorten een primaire rol spelen bij de aantasting, waarna andere soorten het overnemen. Op onaangetast riet waren soorten aanwezig die in staat zijn om lignocellulose af te breken, maar dat visueel nog niet hadden gedaan. Mogelijk hebben schimmels een soort startpunt nodig om de afbraak te beginnen.

Lignine, een onderdeel van plantaardige celwanden, is in staat om licht met korte golflengtes zoals ultraviolet licht (UV) op te nemen (Somerville et al., 2004; Wu et al., 2024). Hierdoor heeft het een gedeeltelijke beschermde functie tegen aantasting van cellulose en hemicellulose. Echter is lignine zelf erg gevoelig voor afbraak door UV (Bosman, 1985; Cogulet et al., 2016). De aantasting van houtig materiaal onder invloed van UV toont als een grijze verkleuring en een trage erosie van de toplaag (Berdahl et al., 2008). Dit zou het startpunt kunnen zijn voor schimmels die lignocellulose afbreken (Goodell et al., 2008; Martínez et al., 2005). Hoewel experimenteel bewijs ontbreekt, is het ook aannemelijk dat UV-schade en schimmel-aantasting elkaar versterken (Buchner, 2021).

Primaire aantasters zoals *D. cf. prosopidis*, *Pestalotiopsis* sp. en *Aspergillus* spp., die enkel aangetroffen zijn in de eerste stadia van aantasting, kunnen in een later stadium door andere schimmels zoals *Acremonium* verdrongen worden. Hierdoor zijn de originele aantastende soorten niet meer te vinden in bijvoorbeeld de kern van een schimmelplek, waar de successie heeft plaatsgevonden. Als lignine eenmaal is aangetast door zonlicht en schimmelactiviteit, wordt cellulose en hemicellulose beter beschikbaar (Bosman, 1985; Cogulet et al., 2016). Het is aannemelijk dat schimmels cellulose en hemicellulose gaan aantasten nadat deze zijn blootgelegd door primaire

aantastende schimmels en abiotische afbraak, ze zijn dus waarschijnlijk onderdeel van een later stadium van aantasting. Een voorbeeld hiervan is *Rhizopus azygosporus*, die in staat is om cellulose af te breken (Khoirunnisa et al., 2020). Aangezien deze schimmel voorkomt op riet zonder zichtbare aantasting maar ook in de kern van een schimmelplek waar aantasting vergevorderd is, kan worden aangenomen dat deze schimmel riet enkel afbreekt nadat andere schimmels cellulose hebben vrijgemaakt door lignine af te breken. Deze schimmel speelt dus mogelijk pas later in de successie een afbrekende rol.

Alle gevonden rietaantasters komen van nature voor in Nederland. Dit geldt ook voor een groot deel van de gevonden soorten (Naturalis Biodiversity Center et al., z.d.). Als deze schimmels sporen vormen, kunnen ze via de wind verspreid worden en op de rieten daken terechtkomen. Met uitzondering van vier geslachten (*Coniochaeta*, *Coniophora*, *Fuscoporia* en *Sordaria*) kunnen alle aantastende geslachten voorkomen op vers, nog niet geoogst riet. Hierdoor is het mogelijk dat de schimmels al aanwezig zijn op het riet voordat deze op het dak aangebracht wordt (Khalmuratova et al., 2021; Neubert, 2005; Van Ryckegem et al., 2007; Voronin et al., 2021). Het kan dus zijn dat de rietdekker riet gebruikt dat al besmet is. Als dit niet zo is, kan de besmetting gemakkelijk vanuit in de natuur voorkomende schimmels komen. Het is momenteel onbekend of en hoe besmetting van het riet door aantastende schimmels te voorkomen is. Vervolgonderzoek kan hier meer inzicht in bieden.

De aantasting van rieten daken wordt voornamelijk veroorzaakt door meerdere soorten witrotschimmels zoals *F. contigua*. Sommige aantastende schimmelsoorten komen enkel voor op schoon riet en onaangetaste stukken dak, andere soorten komen enkel voor op aangetaste stukken. Bruinrotschimmels en enkele witrotschimmels lijken pas later in de aantasting een rol te spelen. Het is aannemelijk dat enkele witrotschimmels, zoals *Didymella* cf. *prosopidis*, *Pestalotiopsis* sp. en *Aspergillus* spp., de aantasting starten. Mogelijk speelt UV-aantasting hierbij ook een rol. Vervolgens nemen andere schimmels in het successieproces de aantasting over en verdwijnen de primaire aantasters. Om meer duidelijkheid te krijgen over het daadwerkelijke aantastende vermogen van de gevonden schimmels kunnen enzymessays uitgevoerd worden, waarmee de hoeveelheid uitgescheiden enzymen kan worden bepaald. Methodes om aantasting te voorkomen kunnen worden verkend in verder onderzoek. Het is mogelijk dat schimmels, die van nature in Nederland voorkomen, de laatste jaren meer schade aanrichten vanwege een veranderd klimaat. Dit zou in een vervolgonderzoek uitgezocht kunnen worden.

Literatuurlijst

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

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

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

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

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

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

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

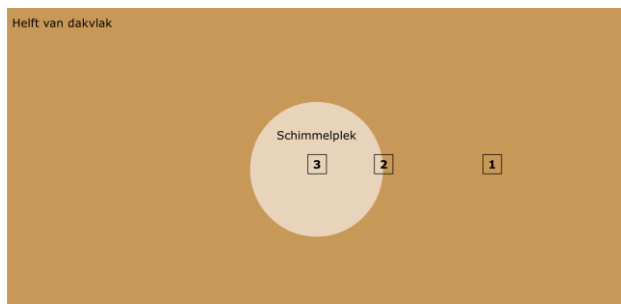
- Voronin, L., Ni, K., & Ea, B. (2021). Checklist of fungi and fungi-like organisms on the common reed *Phragmites australis*. *Asian journal of Mycology*, 4(2), 67-113. <https://doi.org/10.5943/ajom/4/2/7>
- Wang, Y., Liu, Q., Yan, L., Gao, Y., Wang, Y., & Wang, W. (2013). A novel lignin degradation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

Bijlagen

Bijlage 1. Protocol voor bemonstering rieten daken

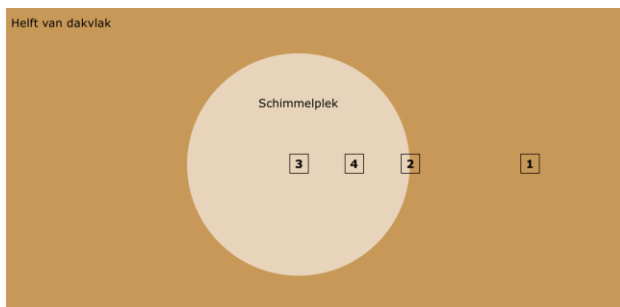
Bemonstering

- Neem rietmonsters met een stengellengte van ongeveer 20 cm lang (inclusief het aan de buitenlucht blootgestelde gedeelte) en een bundeldikte van ongeveer 5 cm
- Neem de monsters van schoon naar aangetast, van buiten de schimmelplek naar de kern toe
- Indien er meer dan één schimmelplek op het dak aanwezig is, neem monsters uit de grootste schimmelplek
- Plaats de monsters individueel in een afsluitbare plastic zak, zodat er één monster in één zak zit. Label de zak met een unieke identificatiecode, opgebouwd uit plaats en monsternummering (bijvoorbeeld van dak in Sprundel: Sprundel-1, Sprundel-3)
- Wissel van handschoenen of reinig de handen na het nemen van de monsters gerelateerd aan één schimmelplek, voordat de volgende schimmelplek bemonsterd wordt
- Bij een kleine schimmelplek (geschat kleiner dan 1 m²), neem drie monsters (figuur 27):
 1. Monster van niet-zichtbaar aangetast riet, genomen op dezelfde hoogte als de andere monsters
 2. Monster van de rand van een schimmelplek
 3. Monster uit de kern van een schimmelplek
 - Neem de monsters in de volgorde 1, 2, 3 (figuur 27)
 - Plaats elk genomen monster in een eigen plastic zak



Figuur 27: Locatie monsters bij een kleine schimmelplek, inclusief de aanduiding van monstertypen (cijfers 1, 2, 3).

- Bij een grote schimmelplek (geschat 1 m² of groter), neem vier monsters (figuur 28):
 1. Monster van niet-zichtbaar aangetast riet, genomen op dezelfde hoogte als de andere monsters
 2. Monster van de rand van een schimmelplek
 3. Monster uit de kern van een schimmelplek
 4. Monster tussen kern en rand van een schimmelplek in
 - Neem de monsters in de volgorde 1, 2, 4, 3 (figuur 28)
 - Plaats elk genomen monster in een eigen plastic zak



Figuur 28: Locatie monsters bij een grote schimmelplek, inclusief de aanduiding van monstertypen (cijfers 1, 2, 3, 4).

Informatie bij elk monster

- Verstrek, indien beschikbaar, de volgende informatie:
 - Identificatiecode
 - Datum van bemonstering
 - Locatie van bemonstering
 - Naam van persoon die bemonstering uitvoert en naam bedrijf
 - Monstertype (cijfers 1 tot 3 of 1 tot 4 zoals beschreven in figuren 27 en 28 hierboven)
 - Leeftijd van het riet
 - Herkomst van het riet
 - Bovenste of onderste helft van dakvlak
 - Omschrijving van dakconstructie
 - Oriëntatie van het dakvlak (noord, oost, zuid, west)
 - Aanwezigheid van schaduw (door bijvoorbeeld bomen)
 - Een foto van de situatie
 - Bijzonderheden
- Lever genomen monsters individueel verpakt in afgesloten plastic zakken aan, zodat er één genomen monster in één zak zit, met een identificatiecode op de zak en op het bijbehorende formulier. Van één helft van een dakzijde worden dus drie of vier zakken met elk één monster aangeleverd
- De hierboven genoemde gegevens kunnen ingevuld worden in het bemonsteringsformulier (bijlage 2). Vul één formulier per monster in

Levering monsters

Lever de monsters af in afgesloten zakken met bijbehorende formulieren op een afgesproken moment bij HAS green academy in 's-Hertogenbosch of bij het huis van Inge de Kloe. Een student is aanwezig om de monsters in ontvangst te nemen.

Bijlage 2. Bemonsteringsformulier

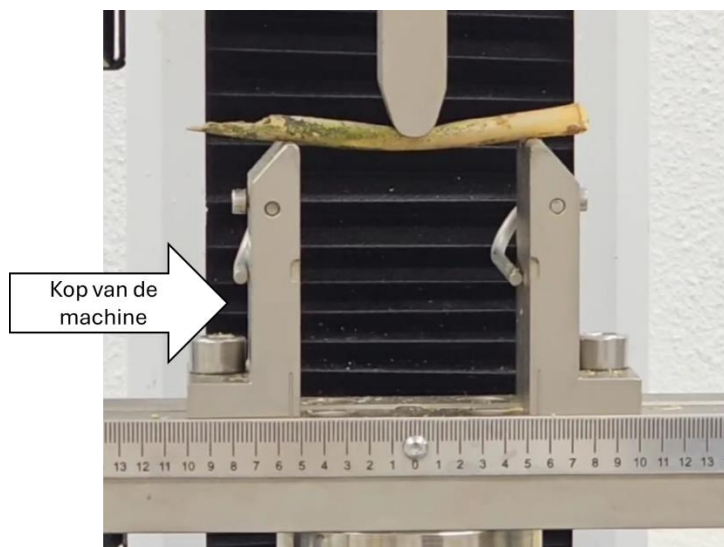
Tabel 9: Bemonsteringsformulier waarin gegevens voor elk genomen monster ingevuld worden.

Identificatiecode	
Datum van bemonstering	
Naam van persoon die bemonstering uitvoert en naam bedrijf	
Locatie van bemonstering	
Monstertype (1=schoon, 2=rand plek, 3=kern plek, alleen bij grote schimmelplek 4=tussen rand en kern)	
Leeftijd van het riet	
Herkomst van het riet	
Bovenste of onderste helft van dakvlak	
Omschrijving van dakconstructie	
Oriëntatie van het dakvlak (noord, oost, zuid, west)	
Aanwezigheid schaduw (door bijvoorbeeld bomen)	
Een foto van de situatie	
Bijzonderheden	

Bijlage 3. Protocol voor driepunts breektest

Driepunts breektest



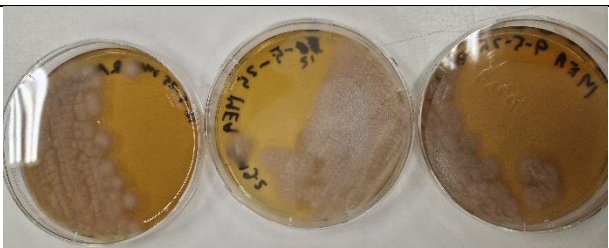

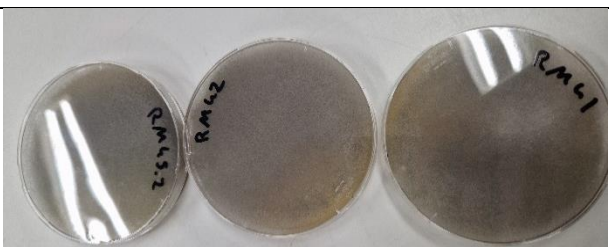
- Stel machine in met een reikwijdte van 5 cm. De kop van de machine heeft een liniaal, deze moet op -5 en 5 gezet worden (daadwerkelijk -2,5 cm en 2,5 cm) (figuur 29)
- Kies het correcte programma. Dit programma is dusdanig geprogrammeerd dat de rietstengels maximaal 10 mm ingedrukt worden
- Neem 10 rietstengels uit het monster. Knip de 10 stukjes riet elk af op 9 cm, tussen de knopen in. Gebruik zo mogelijk intacte stengels en zorg ervoor dat de stukjes riet geen knopen bevatten
- Leg 1 van de 10 stukjes riet van een monster op de kop van de machine, zodat aan beide kanten evenveel riet uitsteekt
- Let op de naam van het bestand en de stengel, pas dit aan indien nodig. Druk op start
- Als de machine weer omhoog is gekomen, verwijder de rietstengel. Plaats de volgende stengel, pas de naam van de stengel aan en druk op start. Herhaal dit voor alle 10 stengels van het monster
- Als alle 10 stengels getest zijn, druk op de knop met het vlaggetje. Sla de resultaten op onder de monstercode. Het programma vraagt vervolgens of je een nieuwe reeks wilt starten onder hetzelfde protocol, druk op ja
- Neem een nieuw monster, knip de stukjes riet, controleer de naamgeving en herhaal de voorgaande stappen








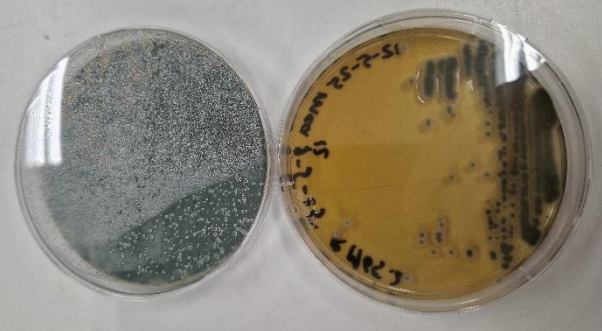
Figuur 29: Druk/trek bank, ingesteld op de correcte reikwijdte met een rietstengel. De pijl duidt de 'kop' van de machine aan.

Bijlage 4. De verschillende schimmelcategorieën

Tabel 10: De gevonden schimmelmorfologieën, ingedeeld in categorieën. Bij elke categorie is de omschrijving van de morfologie en een foto toegevoegd.

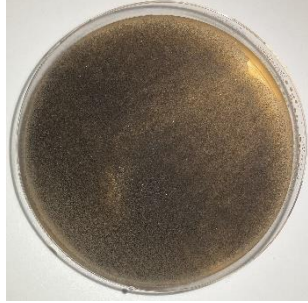


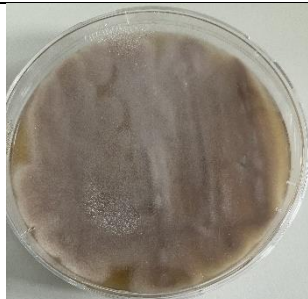
Categorie	Morfologie	Foto
1	Kleur is wit, blauw, geel en groen. Structuur is dik pluizig, pluus is kort. Schimmel heeft gladde rand met ronde losse kolonies.	
2	Kleur is wit. Structuur is dun pluizig, pluus is lang. Kolonie loopt uit over de voedingsbodem. Verkleurd onder invloed van lage temperaturen groen.	
3	Kleur is wit/beige. Structuur is matig gepluisd en zacht. Kolonie heeft een rafelige rand en een ronde vorm.	
4	Kleur is beige/grijs. Structuur is matig gepluisd en zacht. Kolonie heeft een rafelige rand en een ronde vorm.	
5	Kleur is lichtgrijs. Structuur is dik pluizig, pluus is lang. Schimmel groeit over de gehele voedingsbodem en vormt snel sporen.	




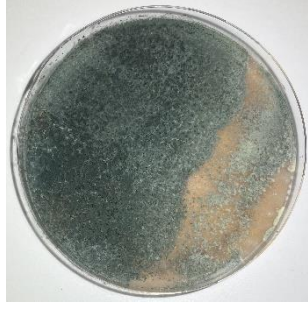

6	Kleur is donkergrijs. Structuur is dik pluizig met duidelijke lange draden. Schimmel groeit over de gehele voedingsbodem en vormt snel sporen.	
7	Kleur is wit. Structuur is dun pluizig. Schimmel groeit over de voedingsbodem in visuele golven.	
8	Kleur is wit met roze. Structuur is middelmatig pluizig. Schimmel heeft licht rafelige rand en geen losse kolonies.	
9	Kleur is rossig/bruin. Structuur is matig gepluisd en zacht. Kolonie heeft een rafelige rand en een ronde vorm.	

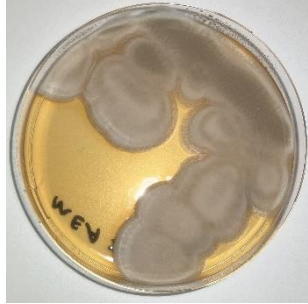




10	Kleur is zwart. Structuur is middelmatig pluizig. Schimmel groeit over de gehele voedingsbodem en vormt snel sporen.	
11	Kleur is groen. Structuur is poederig met kort dik pluus. Schimmel heeft gladde rand met ronde losse kolonies.	

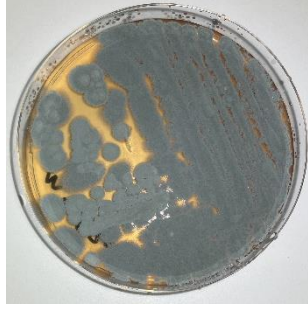
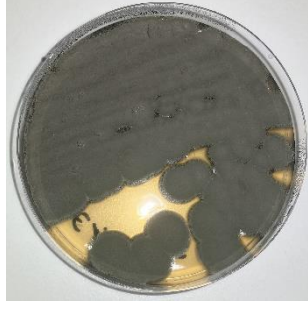

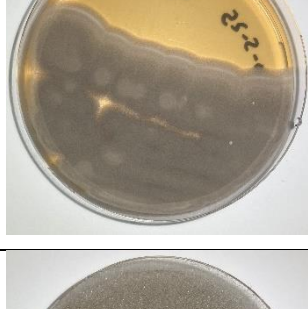

Bijlage 5. Schimmelkolonies geselecteerd voor identificatie


Tabel 11: De schimmelkolonies die zijn geselecteerd uit de gemaakte categorieën en opgestuurd voor identificatie met de bijbehorende monsterinformatie en foto.

Identificatienummer	Categorie	Dak	Monster	Foto
1	10	2	6	
2	5	0	0	
3	5	2	8	
4	9	5	16	

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

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

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

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



Bijlage 6. Protocol voor DNA extractie en PCR

Protocol voor de extractie van DNA uit schimmels

Macherey-Nagel NucleoSpin® Plant II, revision 14

Attention: Additional reagents and equipment necessary!

- Ethanol (96 – 100 %)
- Chloroform
- Micro pistill
- MN Bead Tubes Type B or sea sand

1 Homogenize sample

Wash 50 – 200 mg mycelium (fresh weight) or material from a fruiting body of macro fungi in ethanol. Mycelium can be obtained from a liquid culture or scraped off (with or without agar) from the surface of a solid medium. Cover sample completely with ethanol and mix carefully. Short washing in ethanol is sufficient in most cases, although incubation overnight sometimes increases DNA yield. (Long-term storage in ethanol is also possible). Remove ethanol by pipetting and squeezing the mycelium.

2 Cell lysis

Place the sample into MN Bead Tubes Type B or into a 1.5 mL microcentrifuge tube (not provided) with 150 mg sea sand and add 200 µL Buffer PL1. Homogenize sample using a micro pistil and vortex regularly. Add additional 100 µL Buffer PL1 and continue to homogenize the sample. Note: If the sample cannot be handled easily because e.g. the sample material is soaking up too much buffer, additional Buffer PL1 can be added. Note that the volume of Buffer PC (step 4) has to be increased proportionally. Optional: If the sample is rich in RNA or protein, we recommend adding 10 µL RNase A and/or Proteinase K (5 – 10 mg / mL stock solution, see ordering information), respectively, to the PL1 lysis solution in order to minimize contaminants. Incubate for 10 min at 65 °C. For some fungi it might be advantageous to increase the incubation time to 30 – 60 min. Add 100 µL chloroform. Vortex for 10 s and separate phases by centrifugation for 15 min at 20,000 x g. Pipette the top aqueous layer into a new 1.5 mL microcentrifuge tube (not provided).

3 Filtration / Clarification of crude lysate

Place a NucleoSpin® Filter (violet ring) into a new Collection Tube (2 mL) and load the lysate onto the column. Centrifuge for 2 min at 11,000 x g, collect the clear flowthrough and discard the NucleoSpin® Filter. If not all liquid has passed the filter, repeat the centrifugation step. If a pellet is visible in the flowthrough, transfer the clear supernatant to a new 1.5 mL microcentrifuge tube (not provided). Alternatively, centrifuge the crude lysate for 5 min at 11,000 x g and transfer the

supernatant to a new tube or pass the precleared supernatant through the NucleoSpin® Filter to remove solid particles completely.

4 Adjust DNA binding conditions

Add 450 µL Buffer PC and mix thoroughly by pipetting up and down (5 times) or by vortexing.

5 Bind DNA

Place a NucleoSpin® Plant II Column (green ring) into a new Collection Tube (2 mL) and load a maximum of 700 µL of the sample. Centrifuge for 1 min at 11,000 x g and discard the flowthrough. The maximum loading capacity of the NucleoSpin® Plant II Column is 700 µL. For higher sample volumes repeat the loading step.

6 Wash and dry silica membrane

1st wash

Add 400 µL Buffer PW1 to the NucleoSpin® Plant II Column. Centrifuge for 1 min at 11,000 x g and discard flowthrough. Note: Although washing with Buffer PW1 increases purity it can in some cases slightly reduce the final yield.

2 nd wash

Add 700 µL Buffer PW2 to the NucleoSpin® Plant II Column. Centrifuge for 1 min at 11,000 x g and discard flowthrough.

3 rd wash

Add another 200 µL Buffer PW2 to the NucleoSpin® Plant II Column. Centrifuge for 2 min at 11,000 x g in order to remove wash buffer and dry the silica membrane completely.

7 Elute DNA

Place the NucleoSpin® Plant II Column into a new 1.5 mL microcentrifuge tube (not provided). Pipette 50 µL Buffer PE (65 °C) onto the membrane. Incubate the NucleoSpin® Plant II Column for 5 min at 65 °C. Centrifuge for 1 min at 11,000 x g to elute the DNA. Repeat this step with another 50 µL Buffer PE (65 °C) and elute into the same tube. Note: To achieve maximum yield or higher concentrations refer to section 2.6 for alternative elution procedures. Elution Buffer PE does not contain EDTA. If DNA degradation is observed after storage of purified DNA, adjust EDTA in Buffer PE to 1 mM before elution.

Protocol PCR

Practicum handleiding biotechnologie

Materialen

PCR epjes, Mastermix, DNA monsters, Primermix, Socorex pipet 100µl, Socorex pipetpunten, Microcentrifuge en PCR apparaat (BioRad C1000 Thermal cycler)

Uitvoering en werkwijze

Mastermix voor 1 monster: buffer(promega) 5µl + DNTP (promega) 0,5µl + Gotaq(promega) 0,125 µl + MQ water(Leadpharma) 9,375 µl => 15µl

Primermix: 20 µl primer 1 + 20 µl primer 2 + 960 µl steriel water

Inzetten PCR.

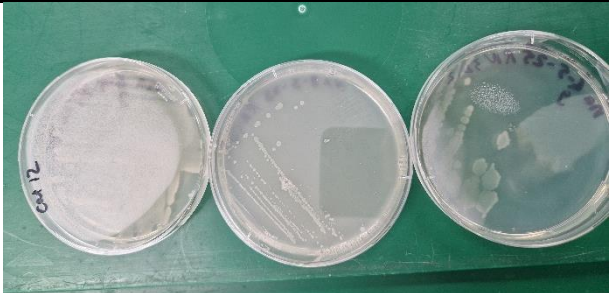


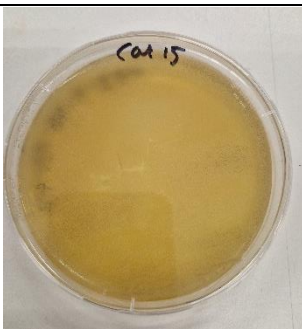
- Probeer ervoor te zorgen dat de primermix, mastermix en het DNA materiaal niet met elkaar in contact komen tijdens het pipeteren. Dit kun je doen door de mastermix onder in het PCR epje te pipetteren, de primermix aan de zijkant te pipetteren en het DNA materiaal aan de andere zijkant van het epje te pipetteren.
- Pipeteer **15µl** mastermix in ieder epje.
- Pipeteer **10µl** primermix in ieder epje.
- Voeg als laatste **5µl** DNA toe aan de epjes. Gebruik voor elk epje een nieuw pipetpunten.
- Centrifugeer alle PCR epjes 1 minuut, hierdoor komen de mastermix, primermix en het DNA materiaal bij elkaar.
- Plaats de epjes in het PCR apparaat en start het PCR programma (tabel 12).
- Na de PCR worden de monsters in de vriezer (-20°C) bewaard


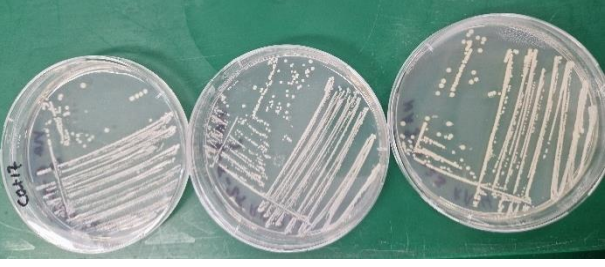

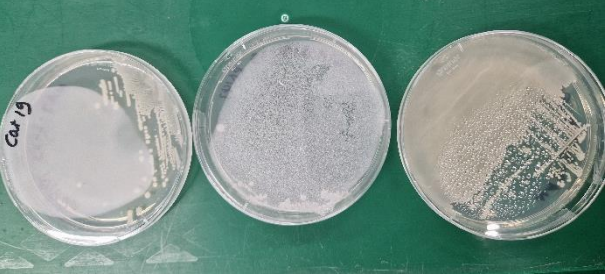
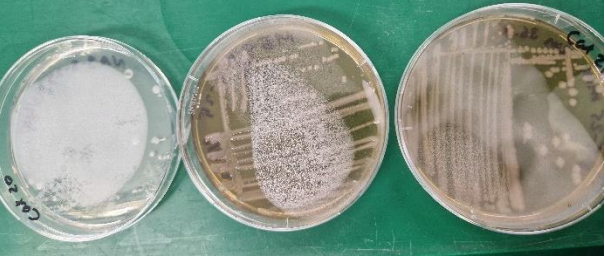
Tabel 12: Eigenschappen van de PCR cycli.


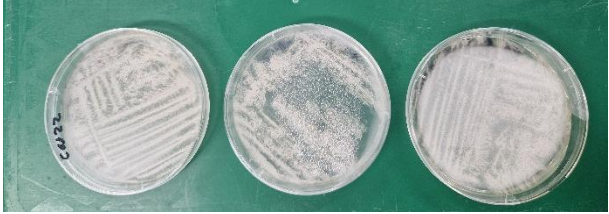
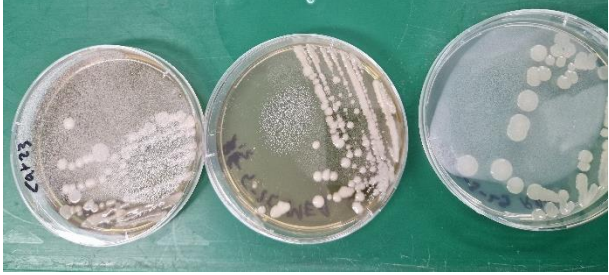



Run	Stap	Functie	Temp	Tijd
1	Stap 1	Denaturatie	94°C	2 min
Herhaal 1x				
2	Stap1	Denaturatie	94°C	0.5 min
Stap2	Annealling	55°C	0.5 min	
Stap3	Extensie	72°C	0.5 min	
Herhaal 34x				
3	Stap1	Extensie	72°C	2 min
Herhaal 1x				

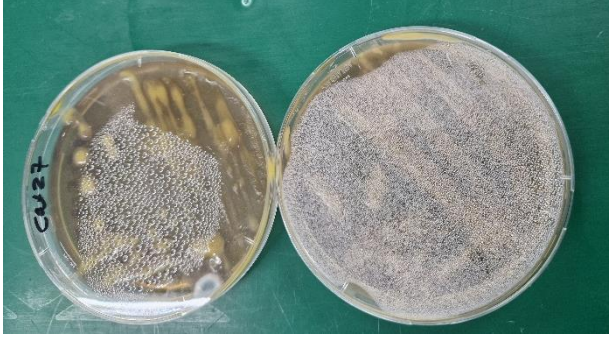
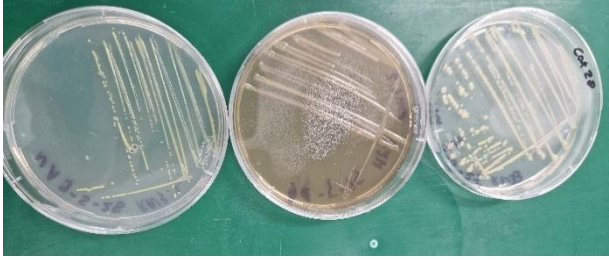
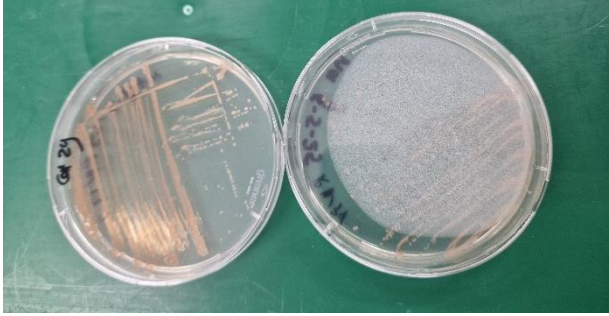
Bijlage 7. De verschillende bacterie categorieën

Tabel 13: De gevonden bacteriemorfologieën, ingedeeld in categorieën. Bij elke categorie is de omschrijving van de morfologie en een foto toegevoegd.

Categorie	Morfologie	Foto
12	Kleur is wit. Structuur is stroperig. Bacterie loopt uit over de voedingsbodem.	
13	Kleur is lichtgeel. Structuur is gelatineachtig. Bacterie vormt kleine, ronde kolonies.	
14	Kleur is doorzichtig-wit. Structuur is enigszins pluizig. Schimmel spreidt zich uit en kolonie heeft gerafelde randen.	
15	Kleur is crème. Structuur is glad en glimmend. Bacterie spreidt zich uit met vingervormige uitstulpingen.	

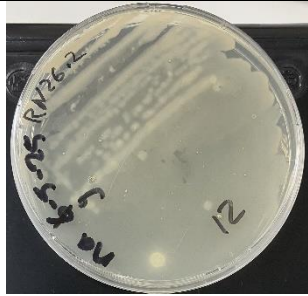



16	Kleur is crème. Structuur is mat. Bacterie vormt kolonies die tegen elkaar aan groeien met gerafelde randen.	
17	Kleur is wit, aan de randen doorzichtig. Structuur is glimmend. Bacterie vormt kleine, ronde kolonies.	
18	Kleur is crème. Structuur is glimmend met ophoping in het middel van de kolonie. Bacterie vormt ronde kolonies.	
19	Kleur is wit. Structuur is glimmend. Bacterie vormt losse ronde kolonies die kunnen uitlopen met vingervormige uitstulpingen.	
20	Kleur is doorzichtig wit. Structuur is glimmend. Bacterie vormt ronde kolonies.	






21	Kleur is wit-crème. Structuur is stroperig en glimmend. Bacterie vormt grote, ronde kolonies.	
22	Kleur is wit. Structuur is mat met draden die overlappende cirkels vormen. Bacterie groeit over de gehele voedingsbodem.	
23	Kleur is wit. Structuur is zowel mat als glimmend. Bacterie vormt grote, ronde kolonies die bolvormig zijn.	
24	Kleur is wit. Structuur is glanzend met puntje in het midden van de kolonie. Bacterie vormt kleine kolonies, met een ronde vorm en golvende rand.	
25	Kleur is wit. Structuur is dof met ophoping in het midden van de kolonie. Bacterie vormt grote, onregelmatige kolonies met een golvende rand.	
26	Kleur is wit. Structuur is mat met witte geribbelde verdikkingen. Bacterie vormt grote kolonies met een golvende rand.	




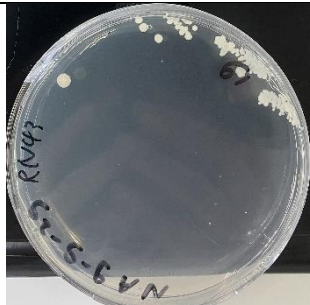

27	Kleur is geel. Structuur is slijmerig met een licht doorzichtige rand. Bacterie groeit zowel op de voedingsbodem als op de deksel van de petrischaal.	
28	Kleur is lichtgeel tot geel. Structuur is glimmend met een verhoogde rand. Bacterie vormt kleine, ronde kolonies.	
29	Kleur is zalmroze. Structuur is glimmend. Bacterie vormt kleine, ronde kolonies.	



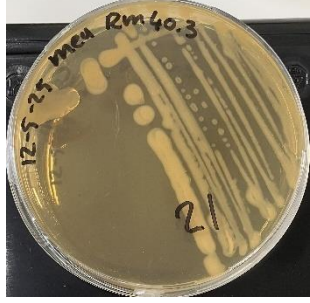


Bijlage 8. Bacteriekolonies geselecteerd voor identificatie






Tabel 14: De bacteriekolonies die zijn geselecteerd uit de gemaakte categorieën en met gramkleuring zijn geïdentificeerd, met de bijbehorende monsterinformatie en foto. Uit de identificatie bleken de kolonies met identificatienummer 4 een schimmel te zijn.


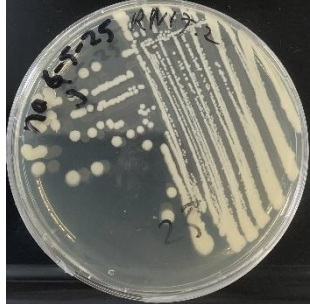
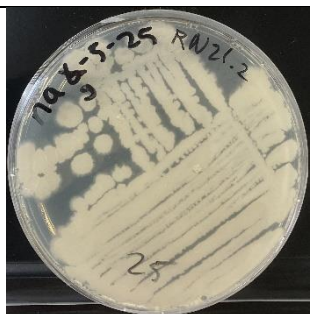
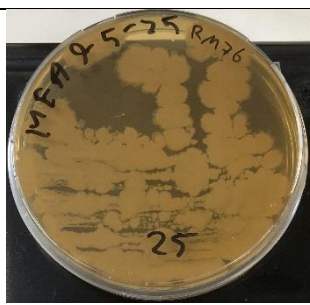

Identificatienummer	Categorie	Dak	Monster	Foto
1	12	3	11	
2	12	3	12	
3	13	7	19	
4	14	6	18	




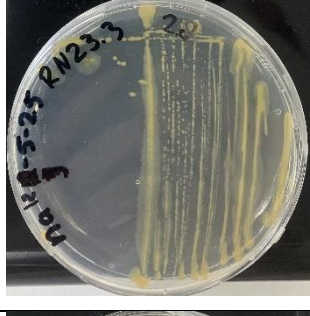
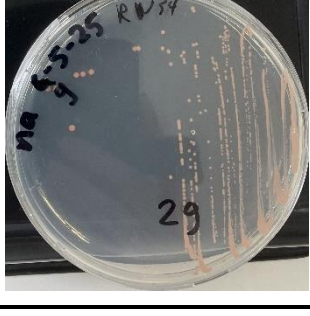
5	15	11	25	
6	16	2	7	
7	17	2	9	
8	17	6	18	
9	17	6	18	


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

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

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

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

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

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

Bijlage 9. Verkregen ITS1, ITS4 en uitgelijnde sequenties

Reincultuur 1

ITS1 (forward):

```
AAGAAATCTTGGGCTTGTCCATTATTATCTATTTACTGTGAACTGTATTATTATTTGACATTTGAGGGATGTTCC
AATGTTATAAGGATAGACATTGGAAATGTTAACCGAGTCATAATCAGGTTTAGGCCTGGTATCCTATTATTATT
ACCAAATGAATTCAGAATTAATATTGTAACATAGACCTAAAAAATCTATAAAACAACTTTTAACAACGGATCTCT
TGTTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCGATAACTAGTGTGAATTGCATATTCAGTGAATCATCGA
GTCTTTGAACGCAACTTGCCTCATTGGTATTCCAATGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAAACAAACCCCTCTAT
TCAACTTTTGTGTATAGGATTATTGGGGGCTCTCGATCTGTATAGATCTTGAAACCCCTTGAAATTTACTAAG
GCCTGAACTTGTTAATGCCTGAACTTTTTTTAATAAAGGAAAGCTCTTGTAATTGACTTTGATGGGGCCTC
CCAAATAAATCTTTTTAAATTTGATCTGAAATCAGGTGGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGGC
CGGAGGAAA
```

ITS4 (reverse):

```
GGGAACCACCTGATTTTCAGATCAAATTTAAAAAAGATTTATTTGGGAGGCCCATCAAAGTCAATTACAAGAGC
TTTTCTTTATATTAATAAAAAAAGTTCAGGCATTAACAAGTTTCAAGCCTTAGTAAATTTCAAGGGTTTCAAGATCT
ATACAGATCGAGAGGCCCAATAATCCTATAACAACAAAAGTTGAATAGAGGGTTTGTGTTGATACTGAAACAG
GCGTGCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTCACA
CTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAG
ATTTTTTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTCATTTGGTAAATAATAATAGGATACCAGGCCTAAACCT
GATTATGACTCGGTTAACATTTCCAATGTCTATCCTTATAACATTGGAACATCCCTCAAATGTCAAATAATAATA
CAGTTCACAGTAAATAGATAATAATGGACAAGCCAAGATTATTGATTATTTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCC
C
```

Uitgelijnde sequentie:

```
CCACCTGATTTTCAGATCAAATTTAAAAAAGATTTATTTGGGAGGCCCATCAAAGTCAATTACAAGAGCTTTCC
TTTATATTAATAAAAAAAGTTCAGGCATTAACAAGTTTCAAGCCTTAGTAAATTTCAAGGGTTTCAAGATCTATACA
GATCGAGAGGCCCAATAATCCTATAACAACAAAAGTTGAATAGAGGGTTTGTGTTGATACTGAAACAGGCGT
GCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTCACACTAG
TTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAGATTTT
TTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTCATTTGGTAAATAATAATAGGATACCAGGCCTAAACCTGATTA
TGACTCGGTTAACATTTCCAATGTCTATCCTTATAACATTGGAACATCCCTCAAATGTCAAATAATAATACAGTT
CACAGTAAATAGATAATAATGGACAAGCCAAGATT
```

Reincultuur 2

ITS1 (forward):

```
ACCTTTACTGGGATTTACTTCTCAGTATTGTTTGCTTCTATACTGTGAACCTCTGGCGATGAAGGTCGTAACCTG
ACCTTCGGGAGAGACTCAGGACATATAGGCTATAATGGGTAGGCCTGTTCTGGGGTTTGATCGATGCCAATCA
GGATTACCTTTCTTCTTTGGGAAGGAAGGTGCCTGGTACCCTTTACCATATACCATGAATTCAGAATTGAAAG
TATAATATAATAACAACCTTTTAAACAATGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCGATA
ACTAGTGTGAATTGCATATTCGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAGCTTGCCTCTATGGATCTTCTATAGAG
TACGCTTGCTTCAGTATCATAACCAACCCACACATAAAATTTATTTTATGTGGTGATGGACAAGCTCGGTTAAAT
TTAATTATTATACCGATTGTCTAAAATACAGCCTCTTTGTAATTTTCAATTAATACGAACCTACCTAGCCATCGTG
CTTTTTTGGTCCAACCAAAAAACATATAATCTAGGGTTCTGCTAGCCAGCAGATATTTAATGATCTTTAACTA
TGATCTGAAGTCAAGTGGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAG
```

ITS4 (reverse):

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

Uitgelijnde sequentie:

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

Reincultuur 3

ITS1 (forward):

```
TAAGAAGGGCCTCCTAGAACTTGTCTAGTTAGGTTTCATTCTTTTTACTGTGAACTGTTTTAATTTTCAGCGTT
TGAGGAATGTCTTTTAGTCATAGGGATAGACTATTAGAATGTTAACCGAGCTGAAGTCAGGTTTAGACCTGGTA
TCCTATTAATTATTTACCAAAAAGAAATTCAGTATTATTATTGTAACATAAGCGTAAAAAAGCTTATAAAAACAATTTT
AACACGGATCTCTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCAGATAACTAGTGTGAATTGCATATTC
AGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAACTTGCCTCAATGGTATTCCATTGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAA
AACACCCACATTACATAATTTTGTGTGAATGGAAGTGAAGTTCGACTTGTTTGAATTCTTTAACTTATTAG
GCCTGAACTATTGTTCTTTCTGCCTGAACATTTTTTAAATATAAAGGAATGCTCTAGTATTAAGACTATCTCTGG
GGCCTCCCAAATAAAAAGTTTCTTAAATTTGATCTGAAATCAGGCGGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA
TAAGGCGGAGGAAAA
```

ITS4 (reverse):

```
ATGGGATCCGCCTGATTTTCGATCAATTTAAGAAAGTTTTATTTGGGAGGCCCCAGAGATAGTCTTAATACTAGA
GCATTCCTTTATATTAATAAATAATGTTTCAGGCAGAAAGAACAATAGTTTCAGGCCTAATAAGTTTAAAGAATTCAA
CAAGTCGAAATTCTCAGTTCCATTACAACAAAATTATGAATGTGGGGTGTTTTTGATACTGAAACAGGCGTGC
TCAATGGAATACCATTGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCATGAATATGCAATTCACACTAGTT
ATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAAGTTTTTT
ACGCTTATGTTACAATAATAACTGAATTCCTTTGGTAAATAATTAATAGGATACCAGGTCTAAACCTGACTTC
AGCTCGTTAACATTCTAATAGTCTATCCCTATGACTAAAAGACATTCCTCAAACGCTGAAAATTAATAACAGTTC
ACAGTAAAAAAGAATGAACCTAACTAGAACAAGTTCTAGGAGGCCATCTAAATTATTTAATGATCCTTCCGCAG
GTTACCCTACGGAA
```

Uitgelijnde sequentie:

```
CCGCCTGATTTTCGATCAATTTAAGAAAGTTTTATTTGGGAGGCCCCAGAGATAGTCTTAATACTAGAGCATTCC
TTTATATTAATAAATAATGTTTCAGGCAGAAAGAACAATAGTTTCAGGCCTAATAAGTTTAAAGAATTCAAACAAGTC
GAAATTCTCAGTTCCATTACAACAAAATTATGAATGTGGGGTGTTTTTGATACTGAAACAGGCGTGTCTCAATG
GAATACCATTGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCATGAATATGCAATTCACACTAGTTATCGCA
CTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAAGTTTTTTACGCTT
ATGTTACAATAATAACTGAATTCCTTTGGTAAATAATTAATAGGATACCAGGTCTAAACCTGACTTCAGCTCG
```

GTTAACATTCTAATAGTCTATCCCTATGACTAAAAGACATTCTCAAACGCTGAAAATTTAAAACAGTTCACAGTA
AAAAAGAATGAACCTAACTAGAACAAAGTTCTAGGAGGCC

Reincultuur 4

ITS1 (forward):

AATGAGTCTTCAATCATTGAAGCTTCTTCCCATTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTTATGTTGGGGATTAAACAT
GGTTGAGAATTTATTTTCGGCCGTCCCAACAAATTATCTTATCCTTTATTAATTGAACTGAACTCATTGAG
ATTACATAAAAAAATAATCTTTAATAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCA
GCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCATAATTCAGTGAATCATCCAATCTTTGAACGCACATTGCACTCTAT
GGTATCCGTAAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAACACCTCACTACTATAACTTTGGTTGTAATTAGTGGACT
TGGGATGCGCTGGTGTCAATCCCCCTTCTAAAAGGAGTTCTTGCCTGTT

ITS4 (reverse):

GGGGTCTGATTTTCGATCAAATTTGAAGAGGATAAATCTCAAATTTCTGTATATCAAGACTGTCAAATTCTA
AGCAAAAAAGCCAGGATTTCAACATTACTGCCGAACTTATTAGGCCAACATGCTGTTAAAACAAATCAACAG
TGCAAGAACTCCATTTTAGAAGGGCTGATTGACACCAGCGCATCCCAAGTCCACTAATTACAACCAAGTTATA
GTAGTGAGGTGTTTCATGATACTGAAACAGGCATACTCTACGGAATACCATAAAGTGAATGTGCGTTCAAAGA
TTCGATGATTCAGTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACC
AAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTTAAAGATTATTTTTTATGTAATCTCAAATGAGTTCATTTCATTTTAA
TAAAGGATAAAATAATTTGTTGGGGACGGCCGAAAAAATTTCTCAACCATGTTAATCCCAACATAAAATAC
GGACAAAGCCAGCACGGTGGGAAGAAGCTTCGATGATTGAAGACTCACTTCATTAATGATCCTTCCGCACGTT
CACCTAAGGAAGG

Uitgelijnde sequentie:

AACAGTGCAAGAACTCCATTTTAGAAGGGCTGATTGACACCAGCGCATCCCAAGTCCACTAATTACAACCAAA
GTTATAGTAGTGAGGTGTTTCATGATACTGAAACAGGCATACTCTACGGAATACCATAAAGTGAATGTGCGTTC
AAAGATTCGATGATTCAGTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGA
GAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTTAAAGATTATTTTTTATGTAATCTCAAATGAGTTCATTTCA
TTTTAATAAAGGATAAAATAATTTGTTGGGGACGGCCGAAAAAATTTCTCAACCATGTTAATCCCAACATA
AAATACGGACAAAGCCAGCACGGTGGGAAGAAGCTTCGATGATTGAAGACTCA

Reincultuur 5

ITS1 (forward):

AAAGAGTTTATGGGACTTTTTAATCCATATCCACCTTGTGTGCAATGTCAGTTCGATCTTCTTCATGGAGATCGA
CCAAACATCAACCTTTATTTTTTAACTCTTTGTCTGAAAAATATTATGAATAACAATTCAAATACAACCTTTCAA
CAACGGATCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTC
AGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCATATTGCGCTCTTTGGTATTCCGAAGAGCATGCTTGTTTGTGATCAGT
AAACACCTCAAAGCTTTTGGATTTTTAATCGAAAAGCTTTGGACTTGAGCAATCCCAACACCAATCTTTTTGAG
ATCGGTGGCGGGTGTGAAATGCAGGTGCAGCTGGACATTCTCCTGAGCTAAAAGCATATTCAATTTAGTCC
CGTCAAACGATTACTTTTGTCTGAGCTAACATAAAGGGAGTTTGACCGTATTGGCTGACTGATGCAGGA
TTTCACAAGGGTCGGCAACGATTCTGTTAAACTCGATCTCAAATCAAGTAAGACTACCCGCTGAACTTAAGCA
TATCAATAAAC

ITS4 (reverse):

ATCTTCTTGATTTGAGATCGAGTTTAAACAAGAATCGTTGCCGACCCTTGTAATCCTGCATCAGTCAGCCAAT
ACGGTCAAACCTTTTATGTTAGCTGCAGCAAAAGTAATAATCCGTTTACCGGGACTAAATGAATATGCTTTT
AGTCCAGGAGAATGTCCAGCTGCACCTGCATTTCAAGCAACCCGCCACCGATCTCAAAAAGATTGGTGTGGG
ATTGCTCAAGTCAAAGCTTTTTCGATTAATAAATCCAAAAGCTTTGAGGTGTTTACTGATACTCAAACAAGCAT
GCTCTTCGGAATACCAAGAGCGCAATATGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCAGTGAATTCTGCAATTCACATTA
CGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTTGAATT

GTTTATTATAATATTTTTTCAGACAAAGAGTTAAAAATAAAGGTTGATGTTTGGTCGATCTCCATGAAGAAGAT
CGACTGACATTGCACACAAGGTGGATATGGATTTAAAAAGTGCCATAAAACACTTATTATGAATGATCCTTCCC
CAGTCACCC

Uitgelijnde sequentie:

TCTTCTTGATTTGAGATCGAGTTTAAACAAGAATCGTTGCCGACCCTTGTGAAATCCTGCATCAGTCAGCCAATA
CGGTCAAACCTCCCTTTATGTTAGCTGCAGCAAAGTAATAATCCGTTTGACGGGACTAAATGAATATGCTTTTA
GCTCAGGAGAATGTCCAGCTGCACCTGCATTTCAAGCAACCCGCCACCGATCTCAAAAAAGATTGGTGTGGGA
TTGCTCAAGTCCAAAGCTTTTCGATTAAAAAATCCAAAAGCTTTGAGGTGTTTACTGATACTCAAACAAGCATG
CTCTTCGGAATACCAAAGAGCGCAATATGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTAC
GTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGATTTTTGAATTG
TTTATTATAATATTTTTTCAGACAAAGAGTTAAAAATAAAGGTTGATGTTTGGTCGATCTCCATGAAGAAGATC
GACTGACATTGCACACAAGGTGGATATGGATTTAAAAAGTGCCATAAA

Reincultuur 6

ITS1 (forward):

GAATGTAAGGCTTTGCCTGCTATCTTTACCCATGTCTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGC
CGATTGGACAATTTAAACCATTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACTTAATAGTTACAACCTTTCAACAAC
GGATCTCTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTG
AATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTA
CCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTGTCTCGCCTCTGCGCGTAGACTCGCCTCAAAACAATTGGCAGC
CGGCGTATTGATTTGAGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTGCACCTATAACGACGACGTCCAAAAGTACTTTTTT
ACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAAAGC

ITS4 (reverse):

TCCCTACCTGATCCGAGGTCAAGAGTGTA AAAAGTACTTTTTGGACGTCGTCGTTATGAGTGCAAAGCGCGAGA
TGTA CTGCGCTCCGAAATCAATACGCCGGCTGCCAATTGTTTTGAGGCGAGTCTACGCGCAGAGGCGAGACA
AACACCCAACACCAAGCAGAGCTTGAAGGTACAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCATGGAATACCAAGG
GGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACACTACTTATCGCATTTGCTGCG
TTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTA ACTATTAAGTTTTTTTCAGACGCTGATTG
CAACTGCAAATGGTTTAAATTGTCCAATCGGCGGGCGGACCCGCCGAGGAAACGAAGGACTCAAAGACAT
GGTAAGAGATAGCAGGCAAAGCCTACA ACTCTAGGTAATGATCCTTCCGAGGTTACCTACGGAAGAAT

Uitgelijnde sequentie:

TCCCTACCTGATCCGAGGTCAAGAGTGTA AAAAGTACTTTTTGGACGTCGTCGTTATGAGTGCAAAGCGCGAGA
TGTA CTGCGCTCCGAAATCAATACGCCGGCTGCCAATTGTTTTGAGGCGAGTCTACGCGCAGAGGCGAGACA
AACACCCAACACCAAGCAGAGCTTGAAGGTACAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCATGGAATACCAAGG
GGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACACTACTTATCGCATTTGCTGCG
TTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTA ACTATTAAGTTTTTTTCAGACGCTGATTG
CAACTGCAAATGGTTTAAATTGTCCAATCGGCGGGCGGACCCGCCGAGGAAACGAAGGACTCAAAGACAT
GGTAAGAGATAGCAGGCAAAGCCTACA

Reincultuur 7

ITS1 (forward):

TCAAACCTCCCAACCCATGTGAACTTACCATTGTTGCCTCGGCAGAAGCTGCTCGGTGCACCCTACCTTGGAAC
GGCCTACCCTGTAGCGCCTTACCCTGGAACGGCTTACCCTGTAGCGGCTGCCGTTGGACTACCAAACCTTTGT
TATTTTATTGTAATCTGAGCGTCTTATTTTAAATAAGTCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCG
ATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA
CATTGCGCCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCTTAAGCCTAGCTTAGTGTT
GGGAGCCTACTGCTTTTACTAGCTGTAGCTCCTGAAATACAACGGCGGATCTGCGATATCCTCTGAGCGTAGT

AATTTTTATCTCGCTTTTACTGGAGTTGCAGCGTCTTTAGCCGCTAAATCCCCCAATTTTTAATGGTTGACCTC
GGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAATACCC

ITS4 (reverse):

TCCTACTGATCCGAGGTCAACCATTAAAAATTGGGGGATTTAGCGGCTAAAGACGCTGCAACTCCAGCTCCAA
AAGCGAGATAAAAAATTACTACGCTCAGAGGATATCGCAGATCCGCCGTTGTATTTACAGGAGCTACAGCTAGTA
AAAGCAGTAGGCTCCCAACACTAAGCTAGGCTTAAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCACTAGAA
TACTAATGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTT
CGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGACTTATTTAAATAAGACGCTC
AGATTACAATAAAATAACAAGAGTTTGGTAGTCCACCGGCAGCCGCTACAGGGTAAGCCGTTCCAGGGTAAGG
CGCTACAGGGTAGGCCGTTCCAAGGTAGGGTGCACCGAGCAGCTTCTGCCGAGGCAACAATGGTAAGTTTAC
ATGGGTTGGGAGTTTAGAAACTCTATAATGATCCCTCCGCAGGTTTACCTACGGAAGC

Uitgelijnde sequentie:

TCCTACTGATCCGAGGTCAACCATTAAAAATTGGGGGATTTAGCGGCTAAAGACGCTGCAACTCCAGCTCCAA
AAGCGAGATAAAAAATTACTACGCTCAGAGGATATCGCAGATCCGCCGTTGTATTTACAGGAGCTACAGCTAGTA
AAAGCAGTAGGCTCCCAACACTAAGCTAGGCTTAAGGGTTGAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCACTAGAA
TACTAATGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTT
CGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGACTTATTTAAATAAGACGCTC
AGATTACAATAAAATAACAAGAGTTTGGTAGTCCACCGGCAGCCGCTACAGGGTAAGCCGTTCCAGGGTAAGG
CGCTACAGGGTAGGCCGTTCCAAGGTAGGGTGCACCGAGCAGCTTCTGCCGAGGCAACAATGGTAAGTTTAC
ATGGGTTGGGAGTTT

Reincultuur 8

ITS1 (forward):

AAAGATAACTCCAAACCAATGTGAACCATACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCCGGGTGCGTCCG
CAGCCCCGGAACAGGCGCCCCGCCGGAGGGACCAACCAAACCTTTTTCTGTAGTCCCCTCGCGGACGTTATTT
CTTACAGCTCTGAGCAAAAATTCAAATGAATCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGA
AGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATT
GCGCCCCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCGAACCCCTCCGGGGGGTCCG
GCGTTGGGGACCTCGGGAGCCCCAAGACGGGATCCCGCCCCGAAATACAGTGGCGGTCTCGCCCGACGCC
TCTCTGCGCAGTAGTTTGCACAACCTCGCACCGGGAGCGCGGCGTCCACGTCCGTAAAACACCCAACTTCT
GAAATGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCATAAACCCG

ITS4 (reverse):

GGATCTACCTGATCCGAGGTCAACATTTAGAAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCCGG
TGCGAGTTGTCAAACACTACTGCGCAGGAGAGGCTGCGGCGAGACCGCCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATCC
CGTCTTAGGGGCTCCCGAGGTCCCCAACGCCGACCCCCGGAGGGGTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGGA
CAGGCATGCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAAT
TCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGA
TTCATTTTGAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAAGAGTTTGGTTGGT
CCCTCCGGCGGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGG
TATGGTTCACATTGGGTTTGGGAGTTGTAACCTCGGTAATGATCCCTCCGAGGTACCCCTACGGAAGGATT
ACCGAGTTTACAACCTCCAAACCAATGTGAACCATACCAAACCTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCCGGGTG
CGTCGCAACCCGGAACAGGCGCCC

Uitgelijnde sequentie:

CTACCTGATCCGAGGTCAACATTTAGAAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCCGGTGCG
AGTTGTGCAAACACTACTGCGCAGGAGAGGCTGCGGCGAGACCGCCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATCCCGTCT
TAGGGGCTCCCGAGGTCCCCAACGCCGACCCCCGGAGGGGTTGAGGGTTGAAATGACGCTCGGACAGGC
ATGCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACA
TTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTCAAT
TTGAAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAAGAGTTTGGTTGGTCCCTC

CGGCGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGGTATGG
TTCACATTGGGTTTGGGAGTT

Deel 2:

AACTCCCAAACCCAATGTGAACCATAACAAACTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCGGGTGCCTCGCAACC
CGGAAACCAGGCGCCC

Reincultuur 9

ITS1 (forward):

CAATTAACTCCCAAACCCAATGTGAACCATAACAAACTGTTGCCTCGGCGGGGTACGCCCGGGTGCCTCGC
AGCCCCGGAACCAGGCGCCCGCCGGAGGGACCAACAAACTCTTTCTGTAGTCCCCTCGCGGACGTTATTTCT
TACAGCTCTGAGCAAAAATTCAAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAG
AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGC
GCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCGAACCCCTCCGGGGGGTCCGGC
GTTGGGGATCGGGAACCCCTAAGACGGGATCCCGGCCCGAAATACAGTGGCGGTCTCGCCGAGCCTCTCA
TGCGCAGTAGTTTGCACAACTCGCACCCGGGAGCGCGGCGCGTCCACGTCCGTAAAACACCCAACTTCTGAAA
TGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAAACC

ITS4 (reverse):

CGGGATCTACCTGATCCGAGGTCAACATTTCAGAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCC
GGTGCAGATTGTGCAAACACTGCGCATGAGAGGCTGCGGCGAGACCCGCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATC
CCGTCTTAGGGGTTCCCGATCCCCAACGCCGACCCCGGAGGGTTTCGAGGGTTGAAATGACGCTCGGACA
GGCATGCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTC
ACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATT
CATTTTTGAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAGAGTTTGGTTGGTCC
CTCCGGCGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGGTA
TGTTACATTGGGTTTGGGAGTTGTAACCTCGGTAATGATCCCTCCGAGGTCACCC

Uitgelijnde sequentie:

CTACCTGATCCGAGGTCAACATTTCAGAAGTTGGGTGTTTTACGGACGTGGACGCGCCGCGCTCCCGGTGCG
AGTTGTGCAAACACTGCGCATGAGAGGCTGCGGCGAGACCCGCACTGTATTTCCGGGGCCGGGATCCCGTCT
TAGGGGTTCCCGATCCCCAACGCCGACCCCGGAGGGTTTCGAGGGTTGAAATGACGCTCGGACAGGCAT
GCCCGCCAGAATACTGGCGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATT
ACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTGATTCATTT
GAATTTTTGCTCAGAGCTGTAAGAAATAACGTCCGCGAGGGGACTACAGAAAGAGTTTGGTTGGTCCCTCCGG
CGGGCGCCTGGTTCCGGGGCTGCGACGCACCCGGGGCGTGACCCCGCCGAGGCAACAGTTTGGTATGGTTC
ACATTGGGTTTGGGAGTT

Reincultuur 10

ITS1 (forward):

ACAGAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTGGGACTTAAACAT
GGTAGGCCTTACGGTTTACCGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACTAAACAA
TGATTTTAATAATCTGTTTAAAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCG
AAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTGGT
ATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTTGTGGAATTGG
GATGCGCCGATTTTTACTAGTCCGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCTATTACAGCAGTTTGGCCT
AATAGTTTTGACTTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAACAT
TTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAAGGAAAAAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTACCTGATTTTACAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAAT

GTAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACAT
TTTAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGT
GCTCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATT
CACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCG
TTGTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATA
TTGTTTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCAC
AAAGGAAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCC

Uitgelijnde sequentie:

CCTACCTGATTTGAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATGTAGC
CAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTTAGG
AGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCAT
GATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAGTGA
ATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTG
AAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATTGTTT
TTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAGG
AAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCT

Reincultuur 11

ITS1 (forward):

GTAAGAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTGGGACTTAAAC
ATGGTAGGCCTTACGGTTTACCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACTAAAC
AATGATTTTAATAATCTGTTTAAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG
CGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTGAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTG
GTATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTTGTGGAATT
GGGATGCGCCGATTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCTACTACAGCAGTTTGGC
CTAATAGTTTTGACTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAACCTC
ATTTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACCTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAACA
AAA

ITS4 (reverse):

GGACCTACCTGATTTGAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGACTTCCAGAAGCAAATG
TAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTT
TAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGC
TCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCA
CTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTT
GTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATT
GTTTTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACACA
AAGGAAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACC

Uitgelijnde sequentie:

CCTACCTGATTTGAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGACTTCCAGAAGCAAATGTAG
CCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACACTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTAG
GAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCA
TGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCAGTGA
AATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTT
GAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATTGTT
TTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAG
GAAAAGATCTTTGAGTTGAAAGATTATCTTT

Reincultuur 12

ITS1 (forward):

AACAGAAGGGCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGCAA
GGCCGCCGGGGGGCATCTGCCCTCTGGCCCCGCGCCCGCCGAAGACACCATTGAACGCTGTCTGAAGATTGCA
GTCTGAGCAATTAGTTAAATAACTTAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCA
GCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCC
TGGTATCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTGTTGGGCTCCGT
CCTCCTCCGGGGGACGGGCCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCCGCTCCGGTCCCTCGAGCGTATGGGGCTTCG
TCACCCGCTCTGCAGGCCCGGGCGGCTTGCCGACACATCAATCTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGT
AGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGA

ITS4 (reverse):

GGGTCCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGTCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTGCAGA
GCGGGTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGGCCGTCCCCCG
GAAGGAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCC
GGAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATC
GCATTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAAT
TGCTCAGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCC
CCGGCGGCCTTGCGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAG
GGCCCTCACTCGGTAATGATCCTTCCGAGGTTCAACCTACGGAAGGCATTACCTAGTGAGGGCCCTCTGGGT
CCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGAAGGCCCGGGGGGCATCT
GCCCTGCCCCGCGCCCCAAAAA

Uitgelijnde sequentie:

CCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGTCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTGCAGAGCGG
GTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGGCCGTCCCCCGGAA
GAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCGGAA
TACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATT
TCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAATTGCTC
AGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCCCGG
CGGCCTTGCGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAGGGCC
CT

Deel2:

AGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGCAAGGCC
GCCGGGGGGCATCTGCCCTCTGGCCCCGCGCC

Reincultuur 13

ITS1 (forward):

CAGAAGGGCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGCAAG
GCCGCCGGGGGGCATCTGCCCTCTGGCCCCGCGCCCGCCGAAGACACCATTGAACGCTGTCTGAAGATTGCA
TCTGAGCAATTAGTTAAATAACTTAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCAG
CGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCC
GGTATCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCACGGCTTGTGTGTTGGGCTCCGT
CTCCTCCGGGGGACGGGCCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCCGCTCCGGTCCCTCGAGCGTATGGGGCTTCGT
CACCCGCTCTGTAGGCCCGGCCGGCGCTTGCCGACACATCAATCTTTTTCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTA
GGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAACC

ITS4 (reverse):

GGGTCCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGTCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTACAGAG
CGGGTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGGCCGTCCCCCG
GAGGAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCG
GAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCG

CATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAATT
GCTCAGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCC
CGGCGGCTTTCGCGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAGG
GCCCTACTCGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCTACGGAAGTCATTA

Uitgelijnde sequentie:

CCTACTGATCCGAGGTCAACCTGGGAAAAAGATTGATGTGTGCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTACAGAGCGG
GTGACGAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTTCGGGCCCGTCCCCCGGGAG
GAGGACGGAGCCCAACACACAAGCCGTGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCGGAA
TACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATT
TCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAGTTATTTAACTAATTGCTC
AGACTGCAATCTTCAGACAGCGTTCAATGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCAGAGGGCAGATGCCCCCGG
CGGCCTTTCGCGCGGGCCCCGCCGAAGCAACAAGGTACGATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAGAGGGCC
CT

Reincultuur 14

ITS1 (forward):

CAAAGAGTAGCCCCGGACGTAAGGGCCGAGCTGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCACATCTTACGACGGC
AGACTCTCTAGAGTCCTCAGCATGAACTGTTAGTAACTAAAGATAAGGGTTGCGCTCGTTATGGCACTTAAGC
CGACACCTCACGGCACGAGCTGACGACAACCATGCAGCACCTTCACATTTGCCTTTCGGGCTATACGGTTTCCT
GTATATTCAAATGCAATTTAAGCCCGGGTAAGGTTCTCGCGTATCATCGAATTAACCACATGTTCTCCGCT
TGTGCGGGCCCTCGTCAATTCCTTTGAGTTTCACCGTTGCCGGCGTACTCCCCAGGTGGAATACTTAATGCTTT
CGTTGGCCGCTTACTGTATATCGCAAACAGCGAGTATTATCGTTTACTGTGTGGACTACCAGGGTATCTAAT
CCTGTTTGATACCCACACTTTTCGAGCATCAGTGTGAGTTGCAGTCCAGTGAGCTGCCTTCGCAATCGGAGTTCT
TCGTGATATCTAAGCATTTACCGCTACACCATGAATTCGCCACCTCTACTGTACTCAATACAGACAGTATC
AACTGCAATTTTACGGTTGAGCCGCAAACCTTTCACTACTGACTTAAGTCCACCTACGCTCCCTTTAAACCCA
ATAAATCCGATAACGCTCGGATCCTCCG

ITS4 (reverse): TCGTCTTGCCCATATGT

Uitgelijnde sequentie: Ontbreekt

Reincultuur 15

ITS1 (forward):

AAGAAGGGCCTTTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTATTTACCTCGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTG
GCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCGGGGCCCGCGCCCGCGAAGACACCCCCGAACCTCTGCCTGAAGATTGTC
GTCTGAGTGAAAATATAAATTTTAAAACCTTTCAACAACGGATCTTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCA
GCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCT
GGTATTCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTC
CTCCGATTCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGCGCGGCACCGCGTCCGGTCTCGAGCGTATGGGGCTTT
GTCACCCGCTCTGTAGGCCCGGCCGCGCTTGGCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAG
GTAGGGATAACCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGAAA

ITS4 (reverse):

CGGGTCTACCTGATCCGAGGTCAACCTGGGATAAAAATTTGGGTTGATCGGCAAGCGCCGGCCGGGCCTACA
GAGCGGGTGACAAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTTCGGGCCCGTCCCC
CGAATCGGAGGACGGGGCCCAACACACAAGCCGGGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCC
CCCCGGAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTACTGAATTTGCAATTCACATTACGT
ATCGATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAATAATTTATATT
TTACTCAGACGACAATCTTCAGGCAGAGTTCCGGGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCCCGGGGCGTGAGC
CCCCGGCGGCCAGTTAAGGCGGGCCCCGCCGAAGCAACGAGGTAATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCC

AAAGGGCCCTCACTCGGTAATGATCCTTCCGCAGGTCCCCTTACGGAAGTACCGAGTGAGGGCCCTTTGGGT
CCAACCTCCCACCCGTGTTTTATTTACCTCGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCAC
GCCCCGGGCCCGCGCCGCGGAAGACCCCCGAACTCTGCCTGAAGATTGTCGTCTGAGTGAAAATATAAAT
TATTTAAAACCTTTCACAACGGATCTCTGGGTTCCGGCATCGATGA

Uitgelijnde sequentie:

CCTACCTGATCCGAGGTCAACCTGGGATAAAAATTTGGGTTGATCGGCAAGCGCCGGCCGGGCTACAGAGCG
GGTGACAAAGCCCCATACGCTCGAGGACCGGACGCGGTGCCGCCGCTGCCTTTCCGGCCCGTCCCCGGAA
TCGGAGGACGGGGCCCAACACACAAGCCGGGCTTGAGGGCAGCAATGACGCTCGGACAGGCATGCCCCCG
GAATACCAGGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCATGAATTTGCAATTCACATTACGTATCGC
ATTTGCTGCTGCTTTCATCGATGCCGGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAATAATTTATATTTTAC
TCAGACGACAATCTTCAGGCAGAGTTCCGGGGTGTCTTCGGCGGGCGCGGGCCCGGGGGCGTGAGCCCCC
GGCGGCCAGTTAAGGCGGGCCCGCCGAAGCAACGAGGTAATAAACACGGGTGGGAGGTTGGACCCAAAGG
GCCCT

Deel 2:

AGGGCCCTTTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTTATTTACCTCGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCC
GCCGGGGGGCTCACGCCCCGGGCCCGCGCCGCGGAAGACCCCCGAACTCTGCCTGAAGATTGTCGTCTG
AGTGAAAATATAAATTATTTAAAACCTTTCACAACGGATCTCTGGGTTCCGGCATCGATGA

Reincultuur 16

ITS1 (forward):

GGGATGTTTATAACCTTTGTTGTCCGACTCTGTTGCCTCCGGGGCGACCCTGCCTTCGGGCGGGGGCTCCG
GGTGACACTTCAAACCTTTCGCTAACTTTGCAGTCTGAGTAACTTAATTAATAAATTAATAAATTTAACAACG
GATCTCTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGA
ATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTAC
CACTCAAGCCTCGTTGGTATTGGGCAACGCGGTCCGCCGCGTGCCTCAAATCGTCCGGCTGGGTCTTCTGTC
CCCTAAGCGTTGTGAAAATATTTCGCTAAAGGGTGTTCGGGAGGCTACGCCGTAACAACCCCATTTCTAAG
GTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAGATTTCTC

ITS4 (reverse):

CAATACCAAGCGAGGCTTGAGTGGTGAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCCGGAATACCAGGGGGCGCA
ATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCATGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCA
TCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTTTAATTTATTAATTAAGTTTACTCAAACGAAAGTTAC
GCAAGAGTTTGAAGTGTCCACCCGGAGCCCCGCCCCGAAGGCAGGGTCCGCCCGGAGGCAACAGAGTCGGA
CAACAAAGGGTTATGAACATCCCGGCCGTAGCCGGGGTCACTTGAATGATCCCTCCGCAGGTTACCTACGG
AAACATCA

Uitgelijnde sequentie:

CAATACCAAGCGAGGCTTGAGTGGTGAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCCGGAATACCAGGGGGCGCA
ATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCATGAATTCGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCA
TCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTTTAATTTATTAATTAAGTTTACTCAAACGAAAGTTAC
GCAAGAGTTTGAAGTGTCCACCCGGAGCCCCGCCCCGAAGGCAGGGTCCGCCCGGAGGCAACAGAGTCGGA
CAACAAAGGGTTATGAACATCCCGGCCGTAGCCGGGGTCACTTGAATGATCCCTCCGCAGGTTACCTACGG
AAACATCA

Reincultuur 17

ITS1 (forward):

GTAAGAAAATCTTTCAAACGAAAGATCTTTTCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTGGGACTTAAAC
ATGGTAGGCCTTACGGTTTACCGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACCTAAAC
AATGATTTAATAATCTGTTTAAAACAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG

CGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTG
GTATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTCGTGGAATT
GGGATGCGCCGATTTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCCTATTACAGCAGTTTGGC
CTAATAGTTTTGACTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAAC
ATTTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTACTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATG
TAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTT
TAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCACGACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGC
TCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCA
CTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTT
GTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATAAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATT
GTTTTTGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAA
AAGGAAAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCTTCCGCAGGTCACCCTACGGAAG

Uitgelijnde sequentie:

CCTACTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATGTAGCC
AAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTTAGGA
GTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCACGACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCATG
ATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCACTGAA
TTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGA
AAGTTGTTTTAAACAGATTATAAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTCATAAGGATGATATATTGTTTT
TGGGACCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAGGA
AAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCTT

Reincultuur 18

ITS1 (forward):

ATTCGAAGATCTTTTCCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTTGGGACTTAAACATGATACACCTTACGGT
GTATCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATAAAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTCCTGATTTTCGATCAAAGTTTGAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGGATTTCCAGAAGCAAATGG
AGCCCAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAGTAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTT
AGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCACATCATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCT
CATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGGGCGTTCAAAGATTTCGATGATTAC
TGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTG
TTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATAAAATCAATTGTTTAGTTTCAGTAAGTTTTTTAAAAGG

Uitgelijnde sequentie: Ontbreekt

Reincultuur 19

ITS1 (forward):

AAATAATTTTGGGCTCGTCCATTATTATCTATTTACTGTGAACTGTATTACTTTCGCTTGAGGGATGCTCC
ACTGCTATAAGGATAGGCGGTGGGGATGTTAACCGAGTCATAGTCAAGCTTAGGCTTGGTATCCTATTATTATT
TACCAAAAGAATTCAGAATTAATATTGTAACATAGACCTAAAAATCTATAAAAACACTTTTAAACACGGATCTC
TTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAGTGCATAACTAGTGTGAATTGCATATTCAGTGAATCATCGA
GTCTTTGAACGCAACTTGCCTCATTGGTATTCCAATGAGCACGCCTGTTTCAGTATCAAAAACAAACCCTCTAT
CCAACATTTTTGTTGAATAGGAATATTGAGAGTCTTTGATCTATTCTGATCTCGAACCTCTTGAATGTACAAA
GGCCTGATCTTGTGTTGAATGCCTGAACTTTTTTTTAAATAAAGAGAAGCTCTTGGGTAACCTGTGCTGGGGC

CTCCCAAATAACTCTTTTTAAATTTGATCTGAAATCAGGCGGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA
GACGGAGGAAAA

ITS4 (reverse):

AACCGCCTGATTTAGATCAAATTTAAAAAGAGTATTATTTGGGAGGCCCCAGCACAGTTTACCGCAAGAGCTT
CTCTTTATATTAATAAAAAAGTTTCAGGCATTCAAACAAGATCAGGCCTTTGTACATTTCAAGAGGTTTCGAGATCA
GAATAGATCAAGAGACTCTCAATATTCTATTCAACAAAAATGTTGGATAGAGGGTTTGTGTTTACTGAAAC
AGGCGTGCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTC
ACACTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTA
TAGATTTTTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTTCTTTGGTAAATAATAATAGGATACCAAGCCTAAG
CTTGACTATGACTCGGTTAACATCCCCACCGCCTATCCTTATAGCAGTGGAGCATCCCTCAAGCGTCAAGTAAT
AATACAGTTCACAGTAAATAGATAATAATGGACGAGCCAAAATTATTGATTATTTAATGATCCTTCCGCAGGTC
ACCCTTACGGGAAG

Uitgelijnde sequentie:

CCGCCTGATTTAGATCAAATTTAAAAAGAGTATTATTTGGGAGGCCCCAGCACAGTTTACCGCAAGAGCTTCT
CTTTATATTAATAAAAAAGTTTCAGGCATTCAAACAAGATCAGGCCTTTGTACATTTCAAGAGGTTTCGAGATCAGA
ATAGATCAAGAGACTCTCAATATTCTATTCAACAAAAATGTTGGATAGAGGGTTTGTGTTTACTGAAACAG
GCGTGCTCATTGGAATACCAATGAGCGCAAGTTGCGTTCAAAGACTCGATGATTCACTGAATATGCAATTCACA
CTAGTTATCGCACTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTAAAAGTTGTTTTATAG
ATTTTTAGGTCTATGTTACAATATTAATTCTGAATTTCTTTGGTAAATAATAATAGGATACCAAGCCTAAGCTTG
ACTATGACTCGGTTAACATCCCCACCGCCTATCCTTATAGCAGTGGAGCATCCCTCAAGCGTCAAGTAATAATA
CAGTTCACAGTAAATAGATAATAATGGACGAGCCAAAATTATT

Reincultuur 20

ITS1 (forward):

CAGACTATGGGAAGTTGTTGCTGGCCTCTAGGGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAAC
TTTTGATAGATCTGTGAAGTCGTCTCTCAAGTCGTCAGACTTGGTTGCTGGGATTTAAACGTCTCGGTGTGACT
ACGCAGTCTATTTACTTACACACCCCAAATGTATGTCTACGAATGTCATTTAATGGGCCTTGTGCCTTTAAACCA
TAATACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT
GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCTTGGTATTCCGAGGGGCATGCC
TGTTTGAGTGTCAATAAATTCTCAAACCTCACTTTGGTTTCTTTCAAATTGTGATGTTTGGATTGTTGGGGGCTGC
TGGCCTTGACAGGTCGGCTCCTCTTAAATGCATTAGCAGGACTTCTCATTGCCTCTGCGCATGATGTGATAATT
ATCACTCATCAATAGCACGCATGAATAGAGTCCAGCTCTAATCGTCCGCAAGGACAATTTGACAATTTGACC
TCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCC

ITS4 (reverse):

GCCTACTGATTTGAGGTCAATTGTCAAATTGCCTTGCGGACGATTAGAGAGCTGGACTCTATTCATGCGTGCT
ATTGATGAGTGATAATTATCACATCATGCGCAGAGGCAATGAGAAGTCCTGCTAATGCATTTAAGAGGAGCCG
ACCTGTCAAGGCCAGCAGCCCCCAACAATCAAACATCACAATTGAAAAGAAACCAAAGTGAGTTTGAGAATT
TAATGACTCAAACAGGCATGCCCTCGGAATACCAAGGGGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTGATGATTCA
CTGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTT
GTTGAAAGTTGTATTATGGTTTAAAGGCACAAGGCCATTAATGACATTGCTAGACATACATTTGGGGTGTGT
AAGTAAATAGACTGCGTAGTCACACCGAGACGTTTAAATCCCAGCAACCAAGTCTGACGACTTGAGAGACGAC
TTCACAGATCTATCAAAGTTTACAGGTGGTTGAAAGACTAGTGAAGCGTGCACATGCCCTAGAGGCCAGCA
ACAACTCCATAGTGAATTCATTAATGATCCTTCCGCAGGTCACCCTTA

Uitgelijnde sequentie:

CCTACTGATTTGAGGTCAATTGTCAAATTGCCTTGCGGACGATTAGAGAGCTGGACTCTATTCATGCGTGCTA
TTGATGAGTGATAATTATCACATCATGCGCAGAGGCAATGAGAAGTCCTGCTAATGCATTTAAGAGGAGCCGA
CCTGTCAAGGCCAGCAGCCCCCAACAATCAAACATCACAATTGAAAAGAAACCAAAGTGAGTTTGAGAATTT
AATGACTCAAACAGGCATGCCCTCGGAATACCAAGGGGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTGATGATTAC
TGAATTCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAGAGATCCGTTG

TTGAAAGTTGTATTATGGTTTAAAGGCACAAGGCCCATTAATGACATTCGTAGACATACATTTGGGGTGTGTA
AGTAAATAGACTGCGTAGTCACACCGAGACGTTTAAATCCCAGCAACCAAGTCTGACGACTTGAGAGACGACT
TCACAGATCTATCAAAAGTTCACAGGTGGTTGAAAGACTAGTGAAGCGTGACATGCCCTAGAGGCCAGCAA
CAACTCCATAGT

Reincultuur 21

ITS1 (forward):

GGCTGCTTGACTGGCTTGCAGGTGCTCGGCGACTTCCTCTCTCATCCATTAACCCCCTGGG

ITS4 (reverse): TCAAGAGATCAGAGAACGAAGTGTCCATAATGTCTCGACAGAGACAATT

Uitgelijnde sequentie: Ontbreekt

Reincultuur 22

ITS1 (forward):

TATGGAAAAACACAGTACACGAATGATTTTCTAAAAGTATTTGGAAAGTTTTATAGGTCGTTGATAGAACAAAA
TACATAATTTTGTAAAAATAAATCACTTTTTATACTAATATGACACGATCACCAATACTTTTTGTTACTAATATCAT
TAGTATACGCTACACCTTTTCCTCAGACATCTAAAAAATAGGTGATGATGCAACTCTATCATGTAATCGAAATA
ATACAAATGACTACGTTGT

ITS4 (reverse): AGTGATTGGTGTGGGATTGCTCAAGTCCAAA

Uitgelijnde sequentie: Ontbreekt

Reincultuur 23

ITS1 (forward): TAAACGAAGTTTACGA

ITS4 (reverse): GCCAATTGTTTTGACGGTA

Uitgelijnde sequentie: Ontbreekt

Reincultuur 24

ITS1 (forward): ATTCAAGCCTGCCTCTTCCTCATGAT

ITS4 (reverse): TTGCTTAGTTG

Uitgelijnde sequentie: Ontbreekt

Reincultuur 25

ITS1 (forward):

AACAGAAATCTTTCAACTCGAAAGATCTTTTCCTTTGTGCTGGCTTTGACCGTATGTAATTTTGGGACTTAAACA
TGGTAGGCCTTACGGTTTACCGGTCCCAAAAACAATATATCATCCTTATGAAAACTTACTGAACAACTAAACA
ATGATTTTAATAATCTGTTTAAAACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGC
GAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACTCCTTGG
TATTCCGAGGAGTATGCCTGTTTCAGTATCATGAGCACTCTCACACCTAACCTTTGGGTTATGTTGTGGAATTG
GGATGCGCCGATTTTTACTAGTCGGCACTCCTAAAATGTAGCTCTTGGCTGTTTCCTATTACAGCAGTTTGGCC

TAATAGTTTTGACTTTTTGTCAAATCTTTGGCTACATTTGCTTCTGGAAATCAGTCTTGATAATACAGAAAACCTCA
TTTCAAACCTTTGATCTGAAATCAGGTAGGGCTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAAGGAA

ITS4 (reverse):

GGGACCTACCTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAAT
GTAGCCAAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACAT
TTTAGGAGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGT
GCTCATGATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATT
CACTGAATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCG
TTGTTGAAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTTCATAAGGATGATATA
TTGTTTTTGGGACCCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCAC
AAAGGAAAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCTTTTGGTAATGATCCTTCCGCAGTCACCC

Uitgelijnde sequentie:

CCTACCTGATTTTCAGATCAAAGTTTGAAATGAGTTTTCTGTATTATCAAGACTGATTTCCAGAAGCAAATGTAGC
CAAAGATTTGACAAAAGTCAAACCTATTAGGCCAAACTGCTGTAATAGGAAACAGCCAAGAGCTACATTTTAGG
AGTGCCGACTAGTAAAAATCGGCGCATCCCAATTCCACAACATAACCCAAAGGTTAGGTGTGAGAGTGCTCAT
GATACTGAAACAGGCATACTCCTCGGAATACCAAGGAGTGCAATGTGCGTTCAAAGATTTCGATGATTCCTGA
ATTCTGCAATTCACATTACGTATCGCATTTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAACCAAGAGATCCGTTGTTG
AAAGTTGTTTTAAACAGATTATTTAAATCATTGTTTAGTTGTTTCAGTAAGTTTTTTCATAAGGATGATATATTGTTT
TTGGGACCCGGTAAACCGTAAGGCCTACCATGTTTAAGTCCCAAATACATACGGTCAAAGCCAGCACAAAGG
AAAAGATCTTTTCGAGTTGAAAGATTATCT

Bijlage 10. BLAST resultaten van barcoding

BLAST resultaten reïncultuur 1

Tabel 15: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 1.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Mucor brunneoqriseus</i></u>	972	972	96%	0.0	99.44%	546
<i>Mucor racemosus</i> f. <i>racemosus</i>	994	994	99%	0.0	99.10%	582
<i>Mucor heilongjiangensis</i>	854	854	97%	0.0	95.20%	547
<i>Mucor brunneolus</i>	793	793	97%	0.0	93.17%	547
<i>Mucor ctenidius</i>	787	787	100%	0.0	92.16%	586
<i>Mucor harpali</i>	787	787	100%	0.0	92.14%	584
<i>Mucor pseudocircinelloides</i>	787	787	100%	0.0	92.10%	582
<i>Mucor phayaoensis</i>	741	741	96%	0.0	91.92%	660
<i>Mucor bainieri</i>	774	774	100%	0.0	91.89%	581
<i>Mucor atramentarius</i>	771	771	100%	0.0	91.74%	580
<i>Mucor pseudolusitanicus</i>	773	773	100%	0.0	91.61%	585
<i>Mucor lusitanicus</i>	765	765	100%	0.0	91.55%	614
<i>Mucor janssenii</i>	760	760	100%	0.0	91.23%	584
<i>Mucor changshaensis</i>	726	726	97%	0.0	91.11%	541
<i>Ellisomyces anomalus</i>	749	749	100%	0.0	91.02%	580
<i>Mucor ramosissimus</i>	749	749	100%	0.0	90.89%	585
<i>Mucor circinelloides</i>	743	743	99%	0.0	90.84%	639
<i>Mucor velutinosus</i>	726	726	98%	0.0	90.69%	565
<i>Mucor griseocyanus</i>	728	728	100%	0.0	90.31%	583

BLAST resultaten reïncultuur 2

Tabel 16: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 2.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Rhizopus azygosporus</i>	1129	1129	100%	0.0	100.00%	641

BLAST resultaten reïncultuur 3

Tabel 17: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 3.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Mucor hiemalis</i></u>	<u>1007</u>	<u>1007</u>	<u>98%</u>	<u>0.0</u>	<u>99.82%</u>	<u>563</u>
<i>Mucor hiemalis</i> f. <i>hiemalis</i>	1026	1026	100%	0.0	99.64%	626
<i>Mucor lobatus</i>	767	767	92%	0.0	93.47%	521
<i>Mucor fusiformis</i>	791	791	98%	0.0	92.49%	597
<i>Mucor donglingensis</i>	749	749	94%	0.0	92.34%	541
<i>Mucor breviphorus</i>	719	719	94%	0.0	91.25%	542
<i>Mucor homothallicus</i>	682	682	89%	0.0	90.96%	528
<i>Mucor fusiformisporus</i>	691	691	94%	0.0	90.11%	551

BLAST resultaten reïncultuur 4

Tabel 18: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 4.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Umbelopsis macrospora</i>	656	656	100%	0.0	94.82%	641
<i>Umbelopsis angularis</i>	656	656	100%	0.0	94.82%	624
<i>Umbelopsis westeae</i>	651	651	100%	0.0	94.56%	588
<i>Umbelopsis swartii</i>	641	641	100%	0.0	94.12%	615
<i>Umbelopsis heterosporus</i>	640	640	100%	0.0	93.94%	642
<i>Umbelopsis gibberispora</i>	630	630	100%	0.0	93.85%	620
<i>Umbelopsis curvata</i>	619	619	100%	1e-177	92.99%	712
<i>Umbelopsis tibetica</i>	610	610	96%	7e-175	93.56%	609
<i>Umbelopsis oblongispora</i>	599	599	100%	2e-171	92.64%	616
<i>Umbelopsis dura</i>	571	571	100%	3e-163	90.77%	740
<i>Umbelopsis satunensis</i>	553	553	100%	1e-157	90.18%	631

BLAST resultaten reïncultuur 5

Tabel 19: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 5.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u>Mortierella rishikesha</u>	<u>1022</u>	<u>1022</u>	<u>100%</u>	<u>0.0</u>	<u>99.29%</u>	<u>595</u>
Linnemannia gamsii	907	907	100%	0.0	95.61%	597
Linnemannia schmuckeri	902	902	100%	0.0	95.59%	591
Linnemannia sclerotiella	898	898	100%	0.0	95.44%	594
Linnemannia scordiella	863	863	96%	0.0	95.43%	575
Linnemannia camargensis	894	894	100%	0.0	95.41%	590
Mortierella histoplasmatoïdes	852	852	96%	0.0	95.07%	539
Linnemannia fatshederae	865	865	100%	0.0	94.53%	633
Linnemannia nimbose	839	839	97%	0.0	94.38%	582
Linnemannia solitaria	863	863	100%	0.0	94.21%	664
Linnemannia elizabethkennyiae	802	802	97%	0.0	93.42%	647
Linnemannia stellaris	817	817	98%	0.0	93.39%	581
Linnemannia acrotona	787	787	100%	0.0	92.09%	587
Linnemannia zychae	765	765	100%	0.0	91.26%	592
Mortierella wuyishanensis	708	708	95%	0.0	90.98%	543
Linnemannia longigemmata	737	737	100%	0.0	90.47%	593
Linnemannia nantahalensis	721	721	100%	0.0	90.21%	582

BLAST resultaten reïncultuur 6

Tabel 20: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 6.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
Didymella prosopidis	854	854	100%	0.0	99.79%	523
Didymella keratinophila	848	848	100%	0.0	99.57%	558
Didymella dimorpha	848	848	100%	0.0	99.57%	485
Didymella heteroderiae	843	843	100%	0.0	99.36%	485
Didymella anserina	843	843	100%	0.0	99.36%	485

<i>Didymella pedaeiae</i>	843	843	100%	0.0	99.36%	485
<i>Didymella maydis</i>	843	843	100%	0.0	99.36%	485
<i>Didymella microchlamydospora</i>	843	843	100%	0.0	99.36%	485
<i>Didymella coffeae-arabicae</i>	835	835	99%	0.0	99.35%	485
<i>Didymella mitis</i>	806	806	95%	0.0	99.33%	450
<i>Didymella nigricans</i>	839	839	100%	0.0	99.14%	486
<i>Nothophoma anigozanthi</i>	839	839	100%	0.0	99.14%	486
<i>Didymella protuberans</i>	837	837	100%	0.0	99.14%	485
<i>Didymella subherbarum</i>	837	837	100%	0.0	99.14%	485
<i>Didymella sancta</i>	837	837	100%	0.0	99.14%	485
<i>Didymella glomerata</i>	837	837	100%	0.0	99.14%	485
<i>Nothophoma pruni</i>	835	835	100%	0.0	99.14%	485
<i>Didymella combreti</i>	833	833	100%	0.0	98.93%	536
<i>Nothophoma infossa</i>	833	833	100%	0.0	98.93%	486
<i>Didymella rumicicola</i>	832	832	100%	0.0	98.93%	485
<i>Didymella arachidicola</i>	832	832	100%	0.0	98.93%	485
<i>Epicoccum proteae</i>	828	828	100%	0.0	98.72%	522
<i>Epicoccum brasiliense</i>	828	828	100%	0.0	98.72%	486
<i>Didymella ellipsoidea</i>	826	826	100%	0.0	98.71%	485
<i>Didymella aurea</i>	826	826	100%	0.0	98.71%	485
<i>Didymella calidophila</i>	826	826	100%	0.0	98.71%	485
<i>Didymella variabilis</i>	789	789	95%	0.0	98.66%	451
<i>Didymella prolaticolla</i>	789	789	95%	0.0	98.66%	451
<i>Didymella chlamydospora</i>	785	785	95%	0.0	98.65%	552
<i>Epicoccum duchesneae</i>	824	824	100%	0.0	98.51%	488
<i>Nothophoma macrospora</i>	822	822	100%	0.0	98.50%	497
<i>Epicoccum hordei</i>	822	822	100%	0.0	98.50%	487
<i>Didymella longicolla</i>	822	822	100%	0.0	98.50%	487
<i>Didymella aquatica</i>	815	815	99%	0.0	98.49%	484
<i>Didymella rosea</i>	813	813	99%	0.0	98.48%	634
<i>Didymella indica</i>	782	782	95%	0.0	98.43%	449
<i>Epicoccum keratinophilum</i>	817	817	100%	0.0	98.29%	547
<i>Similiphoma crystallifera</i>	817	817	100%	0.0	98.29%	488
<i>Didymella chromolaenae</i>	817	817	100%	0.0	98.29%	486
<i>Leptosphaerulina longiflori</i>	815	815	100%	0.0	98.28%	485
<i>Macroventuria anomochaeta</i>	815	815	100%	0.0	98.28%	484
<i>Didymella exigua</i>	815	815	100%	0.0	98.28%	489
<i>Didymella brevopilosa</i>	815	815	100%	0.0	98.28%	552
<i>Ectophoma pomi</i>	811	811	99%	0.0	98.28%	488
<i>Didymella macrophylla</i>	809	809	99%	0.0	98.27%	486
<i>Didymella segeticola</i>	809	809	99%	0.0	98.27%	486

<i>Nothophoma variabilis</i>	813	813	100%	0.0	98.08%	546
<i>Nothophoma ngayawang</i>	811	811	100%	0.0	98.08%	487
<i>Epicoccum huancayense</i>	811	811	100%	0.0	98.07%	486
<i>Pseudopithomyces chartarum</i>	809	809	100%	0.0	98.07%	484

BLAST resultaten reïncultuur 7

Tabel 21: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 7.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Pestalotiopsis pinicola</i>	952	952	100%	0.0	99.24%	608
<i>Pestalotiopsis digitalis</i>	942	942	99%	0.0	99.24%	540
<i>Pestalotiopsis brachiata</i>	913	913	96%	0.0	99.21%	505
<i>Pestalotiopsis grevilleae</i>	948	948	100%	0.0	99.06%	603
<i>Pestalotiopsis rosea</i>	937	937	99%	0.0	99.04%	539
<i>Pestalotiopsis clavata</i>	937	937	99%	0.0	99.04%	539
<i>Pestalotiopsis hispanica</i>	924	924	98%	0.0	99.03%	531
<i>Pestalotiopsis terricola</i>	924	924	98%	0.0	99.03%	530
<i>Pestalotiopsis exudata</i>	924	924	98%	0.0	99.03%	528
<i>Pestalotiopsis trachycarpicola</i>	931	931	99%	0.0	98.85%	540
<i>Pestalotiopsis rhododendri</i>	931	931	99%	0.0	98.85%	538
<i>Pestalotiopsis thailandica</i>	937	937	100%	0.0	98.68%	567
<i>Pestalotiopsis kenjana</i>	937	937	100%	0.0	98.68%	597
<i>Pestalotiopsis oryzae</i>	937	937	100%	0.0	98.68%	594
<i>Pestalotiopsis australasiae</i>	937	937	100%	0.0	98.68%	582
<i>Pestalotiopsis telopeae</i>	937	937	100%	0.0	98.68%	587
<i>Pestalotiopsis rhizophorae</i>	935	935	100%	0.0	98.68%	566
<i>Pestalotiopsis parva</i>	935	935	100%	0.0	98.68%	600
<i>Pestalotiopsis dracontomelon</i>	924	924	99%	0.0	98.66%	538
<i>Pestalotiopsis inflexa</i>	924	924	99%	0.0	98.66%	538
<i>Pestalotiopsis biappendiculata</i>	911	911	98%	0.0	98.64%	527
<i>Pestalotiopsis colombiensis</i>	924	924	100%	0.0	98.30%	590
<i>Pestalotiopsis adusta</i>	915	915	99%	0.0	98.28%	539
<i>Pestalotiopsis hydei</i>	878	878	95%	0.0	98.21%	518
<i>Pestalotiopsis papuana</i>	918	918	100%	0.0	98.11%	604

<i>Pestalotiopsis diploclisiae</i>	918	918	100%	0.0	98.11%	592
<i>Pestalotiopsis malayana</i>	918	918	100%	0.0	98.11%	591
<i>Pestalotiopsis dracaenicola</i>	900	900	98%	0.0	98.07%	532
<i>Pestalotiopsis krabiensis</i>	891	891	97%	0.0	98.05%	528
<i>Pestalotiopsis shoreae</i>	907	907	100%	0.0	97.91%	598
<i>Pestalotiopsis endophytica</i>	902	902	99%	0.0	97.90%	536
<i>Pestalotiopsis diversiseta</i>	896	896	99%	0.0	97.71%	538
<i>Pestalotiopsis alloschemones</i>	704	704	78%	0.0	97.58%	499
<i>Pestalotiopsis portugallica</i>	902	902	100%	0.0	97.55%	596
<i>Pestalotiopsis novae-hollandiae</i>	900	900	100%	0.0	97.54%	601
<i>Pestalotiopsis linearis</i>	891	891	99%	0.0	97.51%	538
<i>Pestalotiopsis intermedia</i>	889	889	99%	0.0	97.51%	537
<i>Pestalotiopsis sequoiae</i>	845	845	94%	0.0	97.39%	550
<i>Pestalotiopsis scoparia</i>	896	896	100%	0.0	97.35%	602
<i>Pestalotiopsis unicolor</i>	887	887	99%	0.0	97.33%	539
<i>Pestalotiopsis australis</i>	891	891	100%	0.0	97.17%	602
<i>Pestalotiopsis chinensis</i>	881	881	99%	0.0	97.14%	540
<i>Pestalotiopsis spathulata</i>	889	889	100%	0.0	96.99%	604
<i>Pestalotiopsis hollandica</i>	887	887	100%	0.0	96.99%	605
<i>Pestalotiopsis monochaeta</i>	887	887	100%	0.0	96.99%	602
<i>Pestalotiopsis verruculosa</i>	876	876	99%	0.0	96.95%	539
<i>Pestalotiopsis yunnanensis</i>	881	881	100%	0.0	96.80%	609
<i>Pestalotiopsis dianellae</i>	878	878	100%	0.0	96.79%	579
<i>Pestalotiopsis camelliae</i>	869	869	99%	0.0	96.76%	537
<i>Pestalotiopsis furcata</i>	869	869	99%	0.0	96.76%	538

BLAST resultaten reïncultuur 8

Tabel 22: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 8.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Trichoderma atroviride</i>	<u>976</u>	<u>976</u>	<u>100%</u>	<u>0.0</u>	<u>100.00%</u>	<u>589</u>
<i>Trichoderma nordicum</i>	970	970	100%	0.0	99.81%	607
<i>Trichoderma scalesiae</i>	970	970	100%	0.0	99.81%	581
<i>Trichoderma neokoningii</i>	957	957	100%	0.0	99.43%	577
<i>Trichoderma martiale</i>	957	957	100%	0.0	99.43%	562
<i>Trichoderma gamsii</i>	955	955	100%	0.0	99.43%	569

<i>Trichoderma dorotheae</i>	950	950	100%	0.0	99.24%	606
<i>Trichoderma caribbaeum</i> var. <i>aequatoriale</i>	926	926	98%	0.0	99.22%	529
<i>Trichoderma koningiopsis</i>	915	915	96%	0.0	99.21%	516
<i>Trichoderma viride</i>	946	946	100%	0.0	99.05%	568
<i>Trichoderma caribbaeum</i> var. <i>caribbaeum</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	658
<i>Trichoderma texanum</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	585
<i>Trichoderma hispanicum</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	605
<i>Trichoderma petersenii</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	573
<i>Trichoderma koningii</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	618
<i>Trichoderma vinosum</i>	909	909	96%	0.0	99.02%	516
<i>Trichoderma taiwanense</i>	909	909	96%	0.0	99.02%	516
<i>Trichoderma tibetica</i>	939	939	100%	0.0	98.86%	605
<i>Trichoderma nothescens</i>	939	939	100%	0.0	98.86%	559
<i>Trichoderma appalachiense</i>	939	939	100%	0.0	98.86%	618
<i>Trichoderma intricatum</i>	904	904	96%	0.0	98.82%	515
<i>Trichoderma songyi</i>	852	852	91%	0.0	98.75%	511
<i>Trichoderma erinaceum</i>	937	937	100%	0.0	98.68%	568
<i>Trichoderma virilente</i>	933	933	100%	0.0	98.67%	629
<i>Trichoderma viridescens</i>	933	933	100%	0.0	98.67%	608
<i>Trichoderma trixiae</i>	928	928	99%	0.0	98.67%	558
<i>Trichoderma paraviridescens</i>	928	928	100%	0.0	98.48%	591
<i>Trichoderma viridarium</i>	928	928	100%	0.0	98.48%	617
<i>Trichoderma neosinense</i>	928	928	100%	0.0	98.48%	560
<i>Trichoderma dingleyae</i>	896	896	96%	0.0	98.43%	516
<i>Trichoderma strigosellum</i>	852	852	92%	0.0	98.35%	485
<i>Trichoderma valdunense</i>	915	915	100%	0.0	97.92%	578
<i>Trichoderma ochroleucum</i>	911	911	100%	0.0	97.92%	574
<i>Trichoderma strigosum</i>	909	909	100%	0.0	97.73%	605
<i>Trichoderma junci</i>	902	902	100%	0.0	97.54%	576
<i>Trichoderma yunnanense</i>	893	893	100%	0.0	97.35%	599
<i>Trichoderma austrokoningii</i>	893	893	100%	0.0	97.18%	577
<i>Trichoderma paucisporum</i>	856	856	96%	0.0	97.08%	535
<i>Trichoderma lieckfeldtiae</i>	883	883	100%	0.0	96.98%	577
<i>Trichoderma cerebriforme</i>	883	883	100%	0.0	96.98%	594
<i>Trichoderma poronioideum</i>	883	883	100%	0.0	96.98%	578
<i>Trichoderma theobromicola</i>	850	850	96%	0.0	96.88%	533
<i>Trichoderma asperellum</i>	848	848	96%	0.0	96.87%	515
<i>Trichoderma vadicola</i>	876	876	100%	0.0	96.79%	601
<i>Trichoderma hamatum</i>	874	874	100%	0.0	96.78%	625
<i>Trichoderma evansii</i>	837	837	96%	0.0	96.65%	524

<i>Trichoderma pubescens</i>	870	870	100%	0.0	96.60%	627
<i>Trichoderma caerulescens</i>	859	859	100%	0.0	96.22%	602
<i>Trichoderma neorufoides</i>	857	857	100%	0.0	96.22%	561
<i>Trichoderma kunmingense</i>	808	808	94%	0.0	96.18%	560

BLAST resultaten reïncultuur 9

Tabel 23: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 9.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Trichoderma hispanicum</i>	970	970	100%	0.0	100.00%	605
<i>Trichoderma koningii</i>	970	970	100%	0.0	100.00%	618
<i>Trichoderma vinosum</i>	935	935	96%	0.0	100.00%	516
<i>Trichoderma dorothaeae</i>	965	965	100%	0.0	99.81%	606
<i>Trichoderma appalachiense</i>	965	965	100%	0.0	99.81%	618
<i>Trichoderma nothescens</i>	963	963	100%	0.0	99.81%	559
<i>Trichoderma caribbaeum</i> var. <i>aequatoriale</i>	941	941	98%	0.0	99.80%	529
<i>Trichoderma koningiopsis</i>	929	929	96%	0.0	99.80%	516
<i>Trichoderma neokoningii</i>	959	959	100%	0.0	99.62%	577
<i>Trichoderma caribbaeum</i> var. <i>caribbaeum</i>	959	959	100%	0.0	99.62%	658
<i>Trichoderma virilente</i>	959	959	100%	0.0	99.62%	629
<i>Trichoderma viridescens</i>	959	959	100%	0.0	99.62%	608
<i>Trichoderma petersenii</i>	959	959	100%	0.0	99.62%	573
<i>Trichoderma texanum</i>	957	957	100%	0.0	99.62%	585
<i>Trichoderma gamsii</i>	957	957	100%	0.0	99.62%	569
<i>Trichoderma trixiae</i>	953	953	99%	0.0	99.62%	558
<i>Trichoderma taiwanense</i>	924	924	96%	0.0	99.60%	516
<i>Trichoderma martiale</i>	955	955	100%	0.0	99.43%	562
<i>Trichoderma viride</i>	953	953	100%	0.0	99.43%	568
<i>Trichoderma neosinense</i>	953	953	100%	0.0	99.43%	560
<i>Trichoderma tibetica</i>	952	952	100%	0.0	99.43%	605
<i>Trichoderma paraviridescens</i>	952	952	100%	0.0	99.43%	591
<i>Trichoderma viridarum</i>	952	952	100%	0.0	99.43%	617
<i>Trichoderma intricatum</i>	917	917	96%	0.0	99.41%	515
<i>Trichoderma songyi</i>	861	861	91%	0.0	99.16%	511
<i>Trichoderma erinaceum</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	568
<i>Trichoderma atroviride</i>	944	944	100%	0.0	99.05%	589
<i>Trichoderma dingleyae</i>	911	911	96%	0.0	99.01%	516
<i>Trichoderma nordicum</i>	941	941	100%	0.0	98.87%	607
<i>Trichoderma scalesiae</i>	941	941	100%	0.0	98.87%	581
<i>Trichoderma ochroleucum</i>	924	924	100%	0.0	98.48%	574
<i>Trichoderma strigosum</i>	917	917	100%	0.0	98.11%	605
<i>Trichoderma strigosellum</i>	837	837	92%	0.0	97.94%	485
<i>Trichoderma junci</i>	909	909	100%	0.0	97.91%	576
<i>Trichoderma austrokoningii</i>	907	907	100%	0.0	97.73%	577
<i>Trichoderma valdunense</i>	905	905	100%	0.0	97.73%	578
<i>Trichoderma yunnanense</i>	902	902	100%	0.0	97.72%	599
<i>Trichoderma paucisporum</i>	865	865	96%	0.0	97.45%	535
<i>Trichoderma lieckfeldtiae</i>	893	893	100%	0.0	97.34%	577
<i>Trichoderma cerebriforme</i>	891	891	100%	0.0	97.34%	594
<i>Trichoderma poronioideum</i>	891	891	100%	0.0	97.34%	578
<i>Trichoderma theobromicola</i>	857	857	96%	0.0	97.25%	533

<i>Trichoderma asperellum</i>	856	856	96%	0.0	97.24%	515
<i>Trichoderma hamatum</i>	883	883	100%	0.0	97.14%	625
<i>Trichoderma evansii</i>	846	846	96%	0.0	97.03%	524
<i>Trichoderma vadicola</i>	878	878	100%	0.0	96.96%	601
<i>Trichoderma pubescens</i>	880	880	100%	0.0	96.96%	627
<i>Trichoderma neorufoides</i>	867	867	100%	0.0	96.58%	561
<i>Trichoderma kunmingense</i>	817	817	94%	0.0	96.57%	560
<i>Trichoderma caerulescens</i>	861	861	100%	0.0	96.39%	602

BLAST resultaten reïncultuur 10

Tabel 24: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 10.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	802	802	82%	0.0	98.89%	459
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	741	741	100%	0.0	91.34%	598

BLAST resultaten reïncultuur 11

Tabel 25: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 11.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	797	797	82%	0.0	98.67%	459
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	747	747	100%	0.0	91.52%	598
<i>Umbelopsis crustacea</i>	702	702	100%	0.0	90.11%	562

BLAST resultaten reïncultuur 12

Tabel 26: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 12.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Penicillium citreosulfuratum</i></u>	922	922	100%	0.0	99.60%	679
<i>Penicillium citreonigrum</i>	911	911	100%	0.0	99.21%	602
<i>Penicillium fundyense</i>	905	905	100%	0.0	99.01%	581

<i>Penicillium myrtaearum</i>	835	835	93%	0.0	98.93%	574
<i>Penicillium cinerascens</i>	894	894	100%	0.0	98.62%	602
<i>Penicillium restrictum</i>	876	876	100%	0.0	97.84%	605
<i>Penicillium philippinense</i>	837	837	96%	0.0	97.74%	505
<i>Penicillium cinereoatrum</i>	837	837	96%	0.0	97.74%	505
<i>Penicillium chalabudae</i>	869	869	100%	0.0	97.64%	681
<i>Penicillium kurssanovii</i>	869	869	100%	0.0	97.64%	592
<i>Penicillium alutaceum</i>	869	869	100%	0.0	97.63%	603
<i>Penicillium heteromorphum</i>	832	832	96%	0.0	97.54%	505
<i>Penicillium arabicum</i>	819	819	95%	0.0	97.50%	480
<i>Penicillium archerae</i>	865	865	100%	0.0	97.45%	639
<i>Penicillium meridianum</i>	865	865	100%	0.0	97.45%	605
<i>Penicillium chalybeum</i>	813	813	95%	0.0	97.11%	506
<i>Penicillium maclennaniae</i>	813	813	95%	0.0	97.11%	506
<i>Penicillium burgense</i>	813	813	95%	0.0	97.11%	507
<i>Penicillium allaniae</i>	808	808	95%	0.0	97.08%	587
<i>Penicillium smithii</i>	808	808	95%	0.0	96.90%	506
<i>Penicillium melinii</i>	848	848	100%	0.0	96.86%	608
<i>Penicillium aotearoae</i>	848	848	100%	0.0	96.86%	585
<i>Penicillium corynephorum</i>	802	802	95%	0.0	96.69%	506
<i>Penicillium terrenum</i>	843	843	100%	0.0	96.67%	711
<i>Penicillium velutinum</i>	843	843	100%	0.0	96.67%	605
<i>Penicillium raciborskii</i>	843	843	100%	0.0	96.67%	606
<i>Penicillium diabolicalicense</i>	843	843	100%	0.0	96.67%	584
<i>Penicillium katangense</i>	843	843	100%	0.0	96.66%	605
<i>Penicillium atrolazulinum</i>	841	841	100%	0.0	96.66%	556
<i>Penicillium atosanguineum</i>	833	833	99%	0.0	96.63%	509
<i>Penicillium rubefaciens</i>	797	797	95%	0.0	96.49%	506
<i>Penicillium decumbens</i>	835	835	100%	0.0	96.46%	541
<i>Penicillium xanthomelinii</i>	826	826	99%	0.0	96.43%	521
<i>Penicillium fagi</i>	832	832	100%	0.0	96.27%	692
<i>Penicillium corylophilum</i>	832	832	100%	0.0	96.27%	605
<i>Penicillium pagulum</i>	832	832	100%	0.0	96.27%	545
<i>Penicillium momoi</i>	832	832	100%	0.0	96.27%	549
<i>Penicillium consobrinum</i>	832	832	100%	0.0	96.27%	557
<i>Penicillium dravuni</i>	797	797	100%	0.0	94.94%	561
<i>Penicillium rubidurum</i>	785	785	100%	0.0	94.87%	598
<i>Penicillium nepalense</i>	752	752	96%	0.0	94.68%	503
<i>Penicillium guttulosum</i>	780	780	100%	0.0	94.67%	598
<i>Penicillium erubescens</i>	780	780	100%	0.0	94.67%	597
<i>Penicillium cantabricum</i>	785	785	100%	0.0	94.55%	609
<i>Penicillium aeris</i>	785	785	100%	0.0	94.55%	609

<i>Penicillium austriicola</i>	776	776	99%	0.0	94.50%	527
<i>Penicillium pimateouiense</i>	774	774	100%	0.0	94.48%	598
<i>Penicillium wisconsinense</i>	780	780	100%	0.0	94.36%	609
<i>Penicillium parvifructum</i>	773	773	100%	0.0	94.31%	550
<i>Penicillium riverlandense</i>	771	771	99%	0.0	94.30%	527

BLAST resultaten reïncultuur 13

Tabel 27: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 13.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Penicillium citreonigrum</i>	922	922	100%	0.0	99.60%	602
<i>Penicillium fundyense</i>	917	917	100%	0.0	99.41%	581
<i>Penicillium myrtacearum</i>	846	846	93%	0.0	99.36%	574
<i>Penicillium citreosulfuratum</i>	911	911	100%	0.0	99.21%	679
<i>Penicillium cinerascens</i>	905	905	100%	0.0	99.01%	602
<i>Penicillium philippinense</i>	848	848	96%	0.0	98.15%	505
<i>Penicillium cinereoatrum</i>	848	848	96%	0.0	98.15%	505
<i>Penicillium chalabudae</i>	880	880	100%	0.0	98.03%	681
<i>Penicillium kurssanovii</i>	880	880	100%	0.0	98.03%	592
<i>Penicillium heteromorphum</i>	843	843	96%	0.0	97.95%	505
<i>Penicillium arabicum</i>	830	830	95%	0.0	97.92%	480
<i>Penicillium archerae</i>	876	876	100%	0.0	97.84%	639
<i>Penicillium restrictum</i>	876	876	100%	0.0	97.84%	605
<i>Penicillium meridianum</i>	876	876	100%	0.0	97.84%	605
<i>Penicillium alutaceum</i>	869	869	100%	0.0	97.63%	603
<i>Penicillium allaniae</i>	819	819	95%	0.0	97.50%	587
<i>Penicillium chalybeum</i>	819	819	95%	0.0	97.31%	506
<i>Penicillium maclennaniae</i>	819	819	95%	0.0	97.31%	506
<i>Penicillium burgense</i>	819	819	95%	0.0	97.31%	507
<i>Penicillium smithii</i>	813	813	95%	0.0	97.11%	506
<i>Penicillium melinii</i>	854	854	100%	0.0	97.06%	608
<i>Penicillium aotearoae</i>	854	854	100%	0.0	97.06%	585
<i>Penicillium katangense</i>	854	854	100%	0.0	97.05%	605
<i>Penicillium corynephorum</i>	808	808	95%	0.0	96.90%	506
<i>Penicillium terrenum</i>	848	848	100%	0.0	96.86%	711
<i>Penicillium velutinum</i>	848	848	100%	0.0	96.86%	605
<i>Penicillium raciborskii</i>	848	848	100%	0.0	96.86%	606

<i>Penicillium diabolicalicense</i>	848	848	100%	0.0	96.86%	584
<i>Penicillium atosanguineum</i>	839	839	99%	0.0	96.83%	509
<i>Penicillium rubefaciens</i>	802	802	95%	0.0	96.69%	506
<i>Penicillium atrolazulinum</i>	841	841	100%	0.0	96.66%	556
<i>Penicillium xanthomelinii</i>	832	832	99%	0.0	96.63%	521
<i>Penicillium fagi</i>	837	837	100%	0.0	96.47%	692
<i>Penicillium corylophilum</i>	837	837	100%	0.0	96.47%	605
<i>Penicillium momoi</i>	837	837	100%	0.0	96.47%	549
<i>Penicillium consobrinum</i>	837	837	100%	0.0	96.47%	557
<i>Penicillium decumbens</i>	835	835	100%	0.0	96.46%	541
<i>Penicillium pagulum</i>	832	832	100%	0.0	96.27%	545
<i>Penicillium dravuni</i>	808	808	100%	0.0	95.33%	561
<i>Penicillium rubidurum</i>	797	797	100%	0.0	95.27%	598
<i>Penicillium nepalense</i>	763	763	96%	0.0	95.08%	503
<i>Penicillium erubescens</i>	791	791	100%	0.0	95.07%	597
<i>Penicillium aeris</i>	797	797	100%	0.0	94.94%	609
<i>Penicillium austriaca</i>	787	787	99%	0.0	94.89%	527
<i>Penicillium guttulolum</i>	785	785	100%	0.0	94.87%	598
<i>Penicillium pimateouiense</i>	785	785	100%	0.0	94.87%	598
<i>Penicillium wisconsinense</i>	791	791	100%	0.0	94.75%	609
<i>Penicillium cantabricum</i>	791	791	100%	0.0	94.75%	609
<i>Penicillium riverlandense</i>	782	782	99%	0.0	94.70%	527
<i>Penicillium bissettii</i>	785	785	100%	0.0	94.69%	583

BLAST resultaten reïncultuur 14

Kwaliteit verkregen sequentie was niet voldoende voor identificatie.

BLAST resultaten reïncultuur 15

Tabel 28: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 15.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Penicillium expansum</i>	929	929	100%	0.0	99.61%	608
<i>Penicillium italicum</i> var. <i>avellaneum</i>	878	878	94%	0.0	99.58%	507
<i>Penicillium italicum</i>	918	918	100%	0.0	99.22%	554
<i>Penicillium ulaiense</i>	867	867	94%	0.0	99.17%	507
<i>Penicillium marinum</i>	905	905	100%	0.0	98.82%	604

<i>Penicillium concentricum</i>	863	863		95%	0.0	98.77%	506
<i>Penicillium robsamsonii</i>	902	902		100%	0.0	98.63%	720
<i>Penicillium polonicum</i>	896	896		100%	0.0	98.43%	585
<i>Penicillium fimorum</i>	896	896		100%	0.0	98.43%	720
<i>Penicillium viridicatum</i>	891	891		100%	0.0	98.24%	609
<i>Penicillium nalgiovense</i>	891	891		100%	0.0	98.24%	585
<i>Penicillium tricolor</i>	891	891		100%	0.0	98.24%	585
<i>Penicillium griseofulvum</i>	891	891		100%	0.0	98.24%	584
<i>Penicillium neoechinulatum</i>	856	856		96%	0.0	98.17%	543
<i>Penicillium bifforme</i>	848	848		95%	0.0	98.16%	508
<i>Penicillium fuscoglaucum</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	704
<i>Penicillium caseifulvum</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	585
<i>Penicillium cavernicola</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	592
<i>Penicillium solitum</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	610
<i>Penicillium speluncae</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	713
<i>Penicillium palitans</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	607
<i>Penicillium commune</i>	887	887		100%	0.0	98.05%	586
<i>Penicillium cyclopium</i>	885	885		100%	0.0	98.04%	567
<i>Penicillium flavigenum</i>	885	885		100%	0.0	98.04%	585
<i>Penicillium albocoremium</i>	885	885		100%	0.0	98.04%	560
<i>Penicillium compactum</i>	885	885		100%	0.0	98.04%	566
<i>Penicillium melanoconidium</i>	881	881		100%	0.0	97.85%	585
<i>Penicillium aurantiogriseum</i>	881	881		100%	0.0	97.85%	607
<i>Penicillium freii</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	595
<i>Penicillium hirsutum</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	587
<i>Penicillium thymicola</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	606
<i>Penicillium verrucosum</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	609
<i>Penicillium goetzii</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	585
<i>Penicillium halotolerans</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	585
<i>Penicillium chrysogenum</i>	880	880		100%	0.0	97.85%	585
<i>Penicillium clavigerum</i>	880	880		100%	0.0	97.84%	694
<i>Penicillium gladioli</i>	876	876		100%	0.0	97.66%	608
<i>Penicillium crustosum</i>	876	876		100%	0.0	97.66%	610
<i>Penicillium mononematosum</i>	876	876		100%	0.0	97.66%	586
<i>Penicillium hordei</i>	876	876		100%	0.0	97.66%	719
<i>Penicillium lanosocoeruleum</i>	874	874		100%	0.0	97.65%	560
<i>Penicillium vanluykii</i>	874	874		100%	0.0	97.65%	585

<i>Penicillium rubens</i>	874	874		100%	0.0	97.65%	585
<i>Penicillium aethiopicum</i>	872	872		100%	0.0	97.65%	546
<i>Penicillium turbatum</i>	869	869		100%	0.0	97.46%	605
<i>Penicillium kewense</i>	867	867		100%	0.0	97.46%	583
<i>Penicillium molle</i>	867	867		100%	0.0	97.46%	607
<i>Penicillium glandicola</i>	869	869		100%	0.0	97.45%	608
<i>Penicillium brevistipitatum</i>	869	869		100%	0.0	97.45%	566
<i>Penicillium paneum</i>	867	867		100%	0.0	97.45%	583

BLAST resultaten reïncultuur 16

Tabel 29: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 16.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Cladosporium chasmanthicola</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	589
<i>Cladosporium pseudochalastosporoides</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	599
<i>Cladosporium setoides</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	517
<i>Cladosporium welwitschiicola</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	535
<i>Cladosporium puyae</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	638
<i>Cladosporium ipereniae</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	633
<i>Cladosporium austroafricanum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	622
<i>Cladosporium angustiterminale</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	607
<i>Cladosporium crousii</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	536
<i>Cladosporium phaenocomae</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	635
<i>Cladosporium varians</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	634
<i>Cladosporium oxysporum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	640
<i>Cladosporium tenuissimum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	587
<i>Cladosporium subuliforme</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	617
<i>Cladosporium exile</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	500
<i>Cladosporium globisporum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	476
<i>Cladosporium myrtacearum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	633
<i>Cladosporium angustisporum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	511

<i>Cladosporium iranicum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	498
<i>Cladosporium funiculosum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	634
<i>Cladosporium colocasiae</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	630
<i>Cladosporium montecillanum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	639
<i>Cladosporium gamsianum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	498
<i>Cladosporium australiense</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	640
<i>Cladosporium asperulatum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	640
<i>Cladosporium pini-ponderosae</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	649
<i>Cladosporium colombiae</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	653
<i>Cladosporium chubutense</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	633
<i>Cladosporium ramotenellum</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	498
<i>Cladosporium silenes</i>	579	579	100%	1e-165	99.68%	476
<i>Cladosporium angustitherbarum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	598
<i>Cladosporium rhusicola</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	639
<i>Cladosporium versiforme</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	536
<i>Cladosporium subcinereum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	543
<i>Cladosporium antarcticum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	567
<i>Cladosporium phlei</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	643
<i>Cladosporium cucumerinum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	639
<i>Cladosporium variabile</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	540
<i>Cladosporium tenellum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	499
<i>Cladosporium spinulosum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	499
<i>Cladosporium macrocarpum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	564
<i>Cladosporium herbarum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	509
<i>Cladosporium allicinum</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	503
<i>Cladosporium herbaroides</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	499
<i>Cladosporium iridis</i>	568	568	98%	3e-162	99.68%	475
<i>Cladosporium parapendielloides</i>	573	573	100%	7e-164	99.37%	590
<i>Cladosporium longicatenatum</i>	573	573	100%	7e-164	99.37%	635
<i>Cladosporium exasperatum</i>	573	573	100%	7e-164	99.37%	640
<i>Cladosporium grevilleae</i>	562	562	98%	1e-160	99.35%	613
<i>Cladosporium langeronii</i>	568	568	100%	3e-162	99.05%	475

BLAST resultaten reïncultuur 17

Tabel 30: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 17.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>800</u>	<u>800</u>	<u>83%</u>	<u>0.0</u>	<u>98.68%</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	741	741	100%	0.0	91.34%	598

BLAST resultaten reïncultuur 18

Tabel 31: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op de ITS4 sequentie van reïncultuur 18.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>702</u>	<u>702</u>	<u>98%</u>	<u>0.0</u>	<u>96.71%</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	562	562	95%	2e-160	91.57%	598
<i>Umbelopsis crustacea</i>	566	566	97%	2e-161	91.10%	562
<i>Umbelopsis autotrophica</i>	527	527	95%	7e-150	90.12%	575

BLAST resultaten reïncultuur 19

Tabel 32: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 19.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Mucor circinelloides</i></u>	<u>1029</u>	<u>1029</u>	<u>100%</u>	<u>0.0</u>	<u>99.64%</u>	<u>639</u>
<i>Mucor ctenidius</i>	941	941	99%	0.0	96.98%	586
<i>Mucor janssenii</i>	922	922	99%	0.0	96.43%	584
<i>Mucor pseudolusitanicus</i>	915	915	99%	0.0	96.09%	585
<i>Mucor pseudocircinelloides</i>	911	911	99%	0.0	96.07%	582
<i>Mucor velutinosus</i>	896	896	98%	0.0	96.02%	565
<i>Mucor atramentarius</i>	902	902	99%	0.0	95.90%	580
<i>Mucor bainieri</i>	904	904	99%	0.0	95.89%	581

<i>Mucor griseocyanus</i>	900	900	99%	0.0	95.71%	583
<i>Ellisomyces anomalus</i>	896	896	99%	0.0	95.71%	580
<i>Mucor lusitanicus</i>	896	896	99%	0.0	95.71%	614
<i>Mucor phayaoensis</i>	850	850	96%	0.0	95.35%	660
<i>Mucor ramosissimus</i>	885	885	99%	0.0	95.19%	585
<i>Mucor changshaensis</i>	835	835	96%	0.0	94.81%	541
<i>Mucor amethystinus</i>	811	811	99%	0.0	92.44%	607
<i>Mucor heilongjiangensis</i>	769	769	96%	0.0	92.42%	547
<i>Mucor racemosus</i> f. <i>racemosus</i>	754	754	100%	0.0	90.96%	582
<i>Mucor brunneogriseus</i>	717	717	96%	0.0	90.72%	546
<i>Pirella naumovii</i>	460	550	79%	1e-129	90.56%	641
<i>Mucor harpali</i>	726	726	99%	0.0	90.20%	584

BLAST resultaten reïncultuur 20

Tabel 33: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 20.

Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<i>Pleurotus ostreatus</i>	<u>1051</u>	<u>1051</u>	<u>98%</u>	<u>0.0</u>	<u>98.82%</u>	<u>630</u>
<i>Pleurotus ferulaginis</i>	883	883	100%	0.0	93.72%	622

BLAST resultaten reïncultuur 21

Kwaliteit verkregen sequentie was niet voldoende voor identificatie.

BLAST resultaten reïncultuur 22

Kwaliteit verkregen sequentie was niet voldoende voor identificatie.

BLAST resultaten reïncultuur 23

Kwaliteit verkregen sequentie was niet voldoende voor identificatie.

BLAST resultaten reïncultuur 24

Kwaliteit verkregen sequentie was niet voldoende voor identificatie.

BLAST resultaten reïncultuur 25

Tabel 34: Identificatie resultaten verkregen uit BLAST met wetenschappelijke naam, maximale en totale score, query cover (overeenkomend deel van sequentie), E-waarde, identificatiepercentage en accession length (lengte van de sequentie in de database). Grijs gekleurde rijen vallen buiten de

drempelwaardes (min. 70% query cover, min. 94 of min. 97% identificatie, maximaal 5 rijen). De onderstreepte identificatie is gekozen als meest waarschijnlijk. Resultaten gebaseerd op uitgelijnde sequentie van reïncultuur 25.

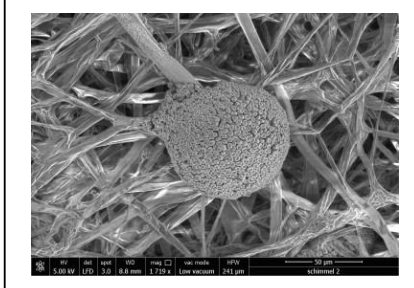
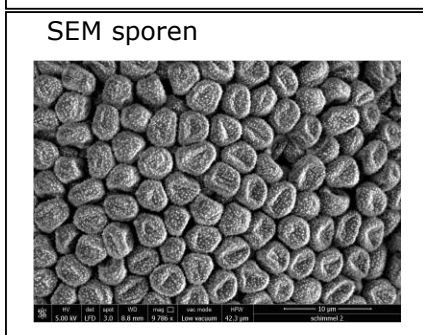
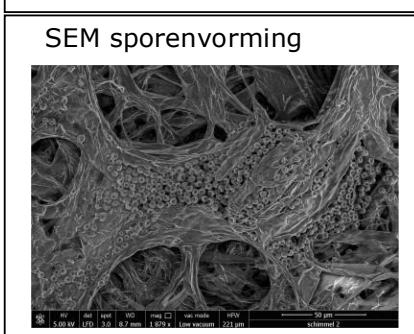
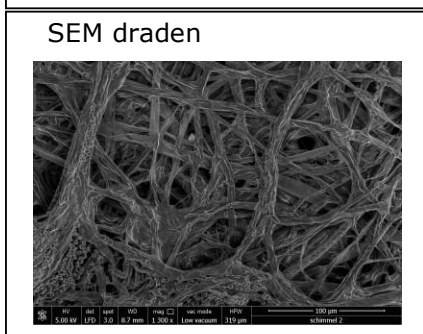
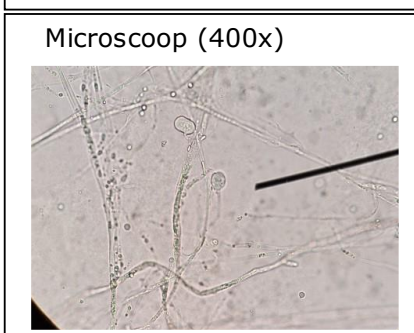
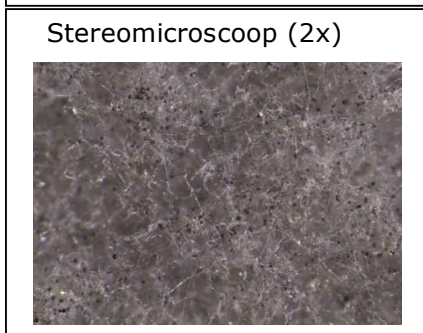
Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Percent. Ident.	Acc. Length
<u><i>Umbelopsis brunnea</i></u>	<u>802</u>	<u>802</u>	<u>82%</u>	<u>0.0</u>	<u>98.89%</u>	<u>459</u>
<i>Umbelopsis dimorpha</i>	741	741	100%	0.0	91.34%	598

Reincultuur 2

Rhizopus azygosporus



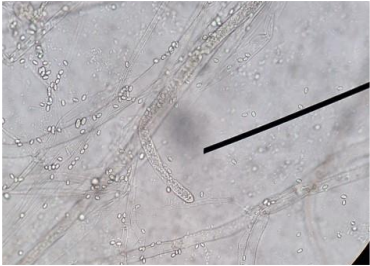
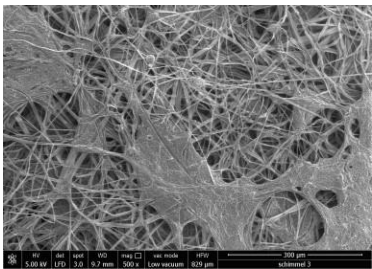
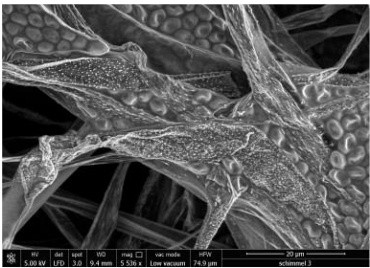
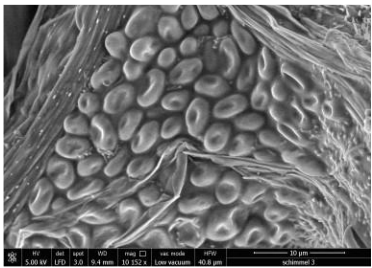

Beschrijving

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



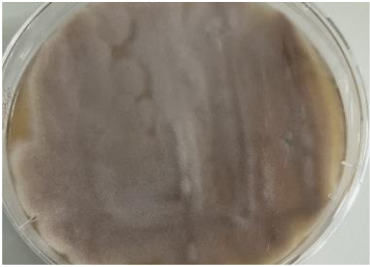

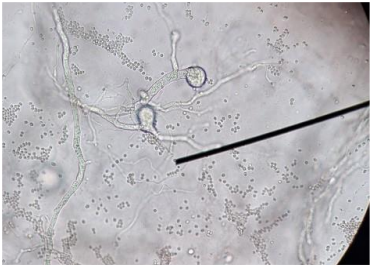
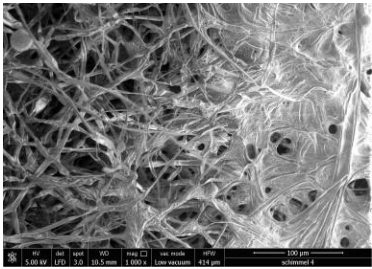
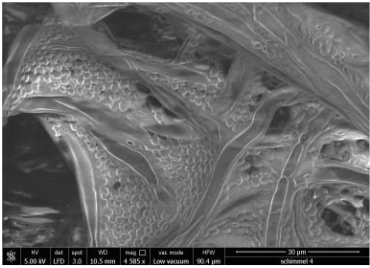
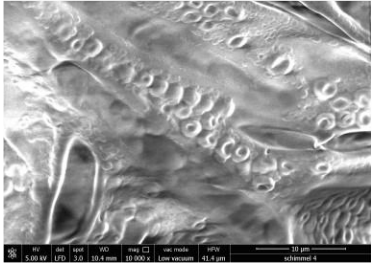
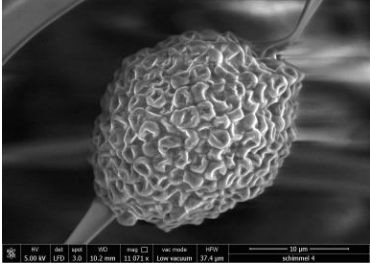
Reincultuur 3

Mucor hiemalis

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: beige tot lichtgrijs• Structuur: dik, lang pluis• Groeiwijze: over gehele voedingsbodem, snel sporenvormend• Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>  <p>5.00 kV X10.0k LFD 3.0 12.2mm 100x Low vacuum 609 µm schimmel3</p>	<p>SEM sporenvorming</p>  <p>5.00 kV X75.0k LFD 3.0 9.4mm 5.50x Low vacuum 74.9 µm schimmel3</p>
<p>SEM sporen</p>  <p>5.00 kV X10.0k LFD 3.0 14.4mm 10.52x Low vacuum 40.8 µm schimmel3</p>	 <p>5.00 kV X3.50k LFD 3.0 9.6mm 3.50x Low vacuum 117 µm schimmel3</p>

Reincultuur 4

Umbelopsis sp.

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


Reincultuur 5

Mortierella rishikेशa

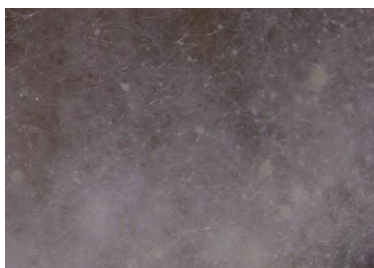
Beschrijving

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


Reincultuur



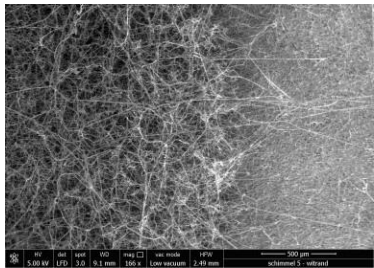
Stereomicroscop (2x)



Microscop (400x)

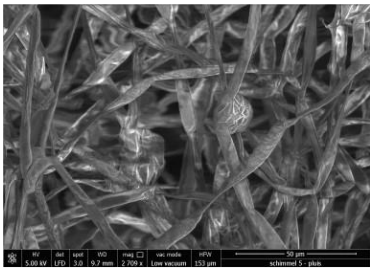


SEM draden



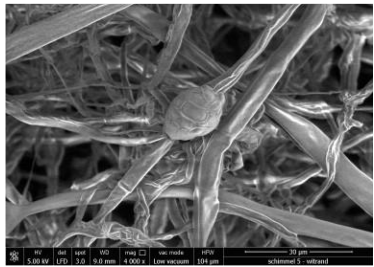
5.00 kV X10.0 10.0 mm 4.000 x Low vacuum 104 µm schimmel 5 - uitland

SEM sporenvorming



5.00 kV X10.0 10.0 mm 4.000 x Low vacuum 104 µm schimmel 5 - uitland




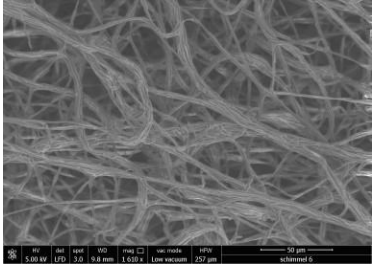
SEM sporen



5.00 kV X10.0 10.0 mm 4.000 x Low vacuum 104 µm schimmel 5 - uitland



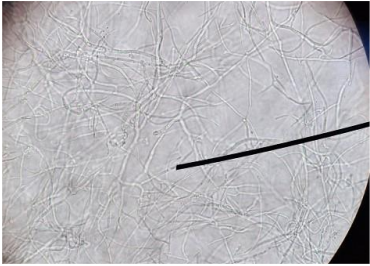
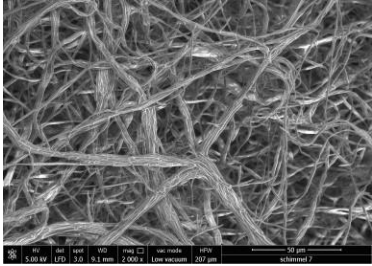
Reincultuur 6

Didymella cf. prosopidis

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

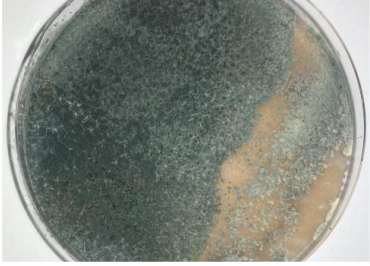
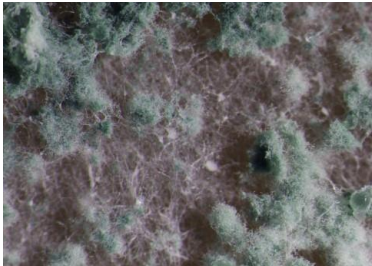
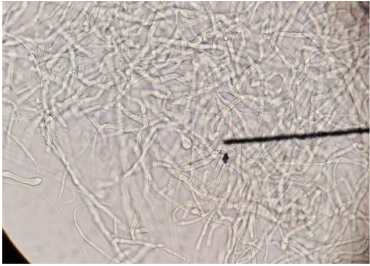
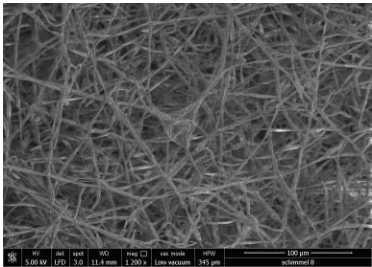
Reincultuur 7

Pestalotiopsis sp.

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

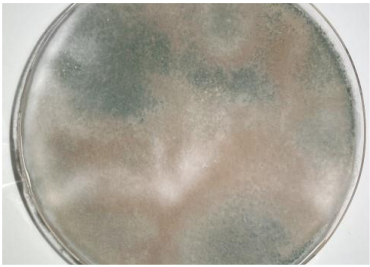
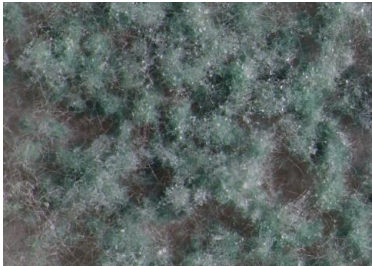

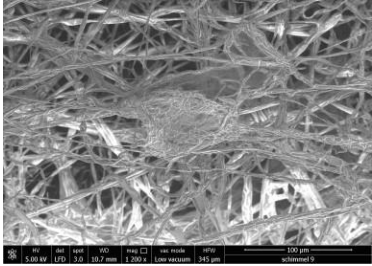
Reincultuur 8

Trichoderma atroviride

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

Reincultuur 9

Trichoderma sp.

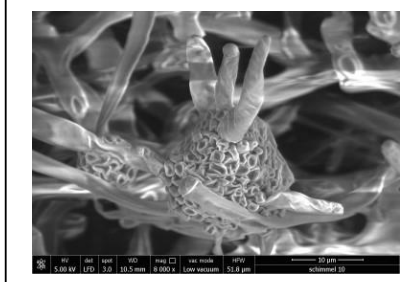
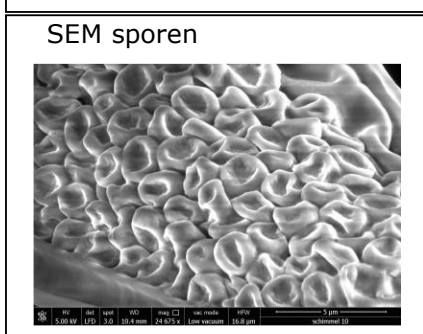
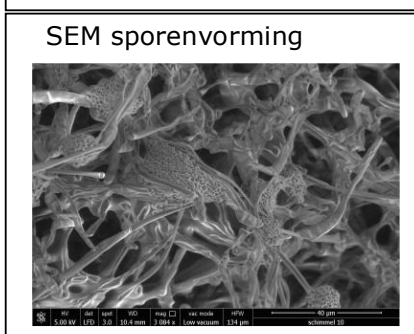
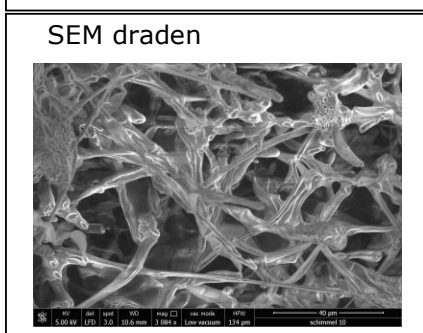
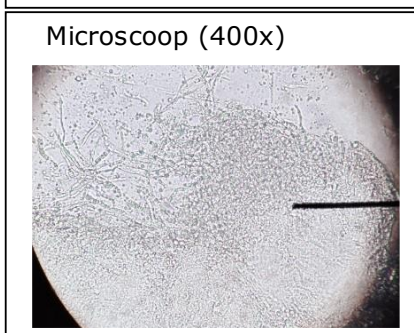
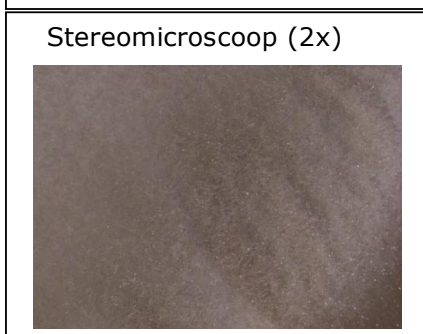
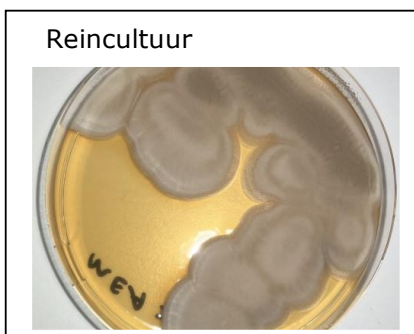
<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: wit met groene sporen• Structuur: dun, lang pluig• Groeiwijze: uitlopend• Afbraak: mogelijk lignine, cellulose, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>  <p>5.00 kV X10.0k 20.0um 1.000e5 LowVacuum 340um</p>	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

Reincultuur 10

Umbelopsis brunnea

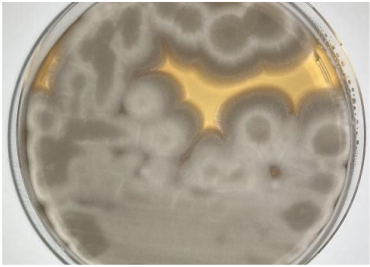


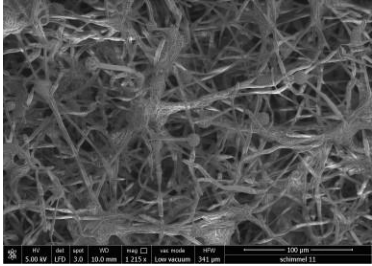
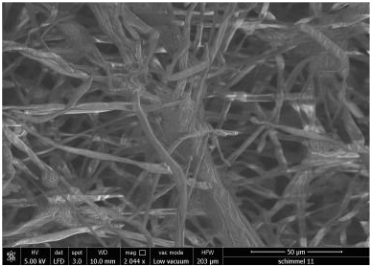
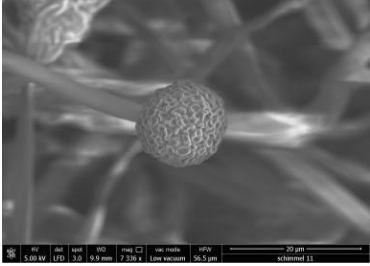
Beschrijving

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






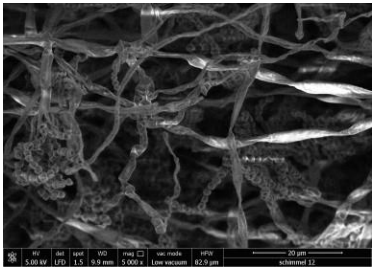
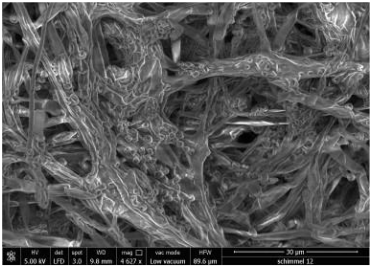
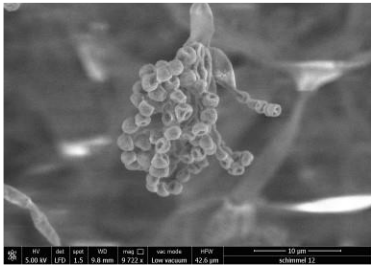
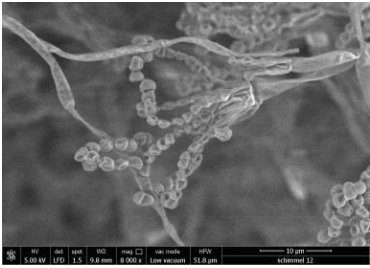
Reincultuur 11

Umbelopsis brunnea

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




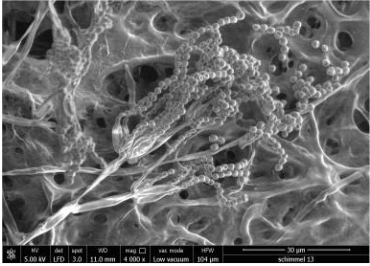
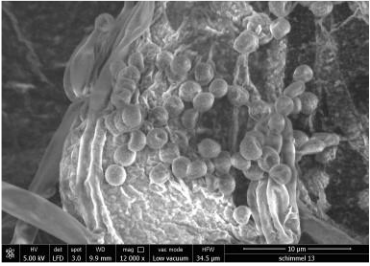
Reincultuur 12

Penicillium cf. citreosulfuratum

<p>Beschrijving</p> <ul style="list-style-type: none">• Kleur: groen met wit• Structuur: dik, kort pluis• Groeiwijze: gladde, ronde kolonies• Afbraak: lignine, hemicellulose	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>  <p>5.00 kV X1.5 4.9 mm 9.000 x Low vacuum 82.8 µm schimmel 12</p>	<p>SEM sporenvorming</p>  <p>5.00 kV X1.5 9.8 mm 8.000 x Low vacuum 89.8 µm schimmel 12</p>
<p>SEM sporen</p>  <p>5.00 kV X1.5 9.8 mm 9.722 x Low vacuum 42.6 µm schimmel 12</p>	 <p>5.00 kV X1.5 9.8 mm 8.000 x Low vacuum 51.8 µm schimmel 12</p>



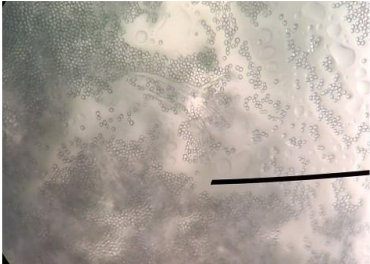
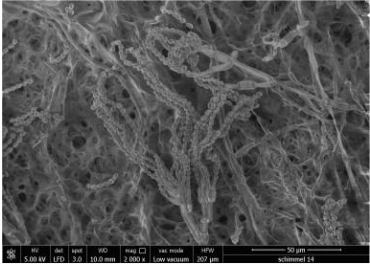
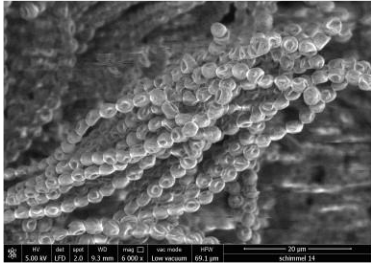
Reincultuur 13

Penicillium cf. citreonigrum

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

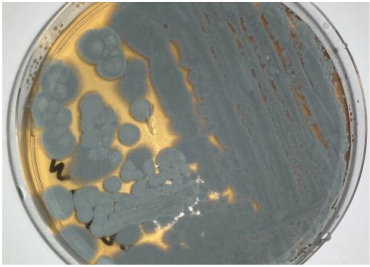

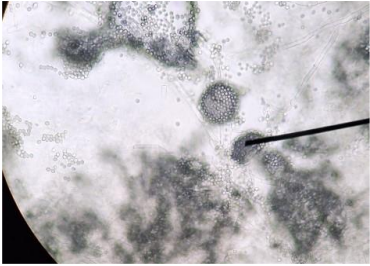
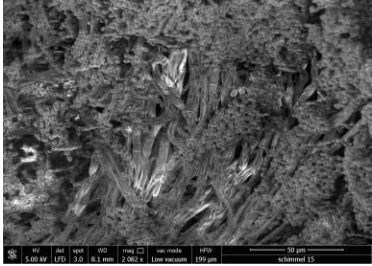
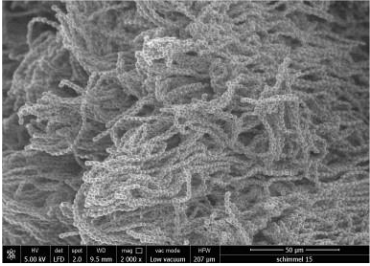
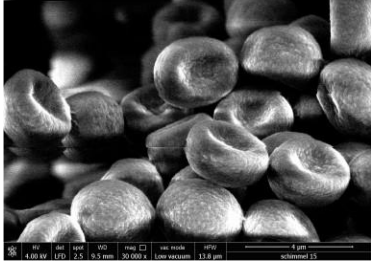
Reincultuur 14

Penicillium sp.

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

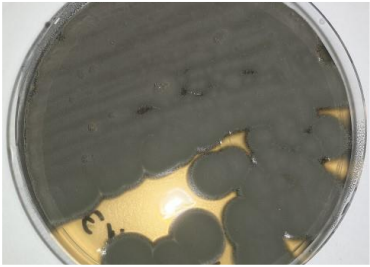

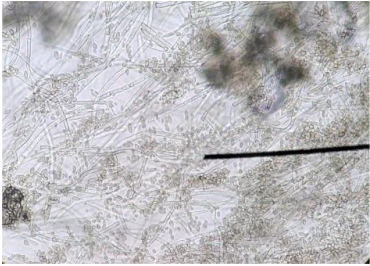
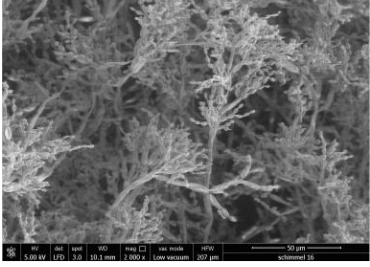
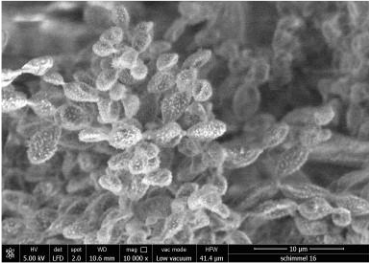
Reincultuur 15

Penicillium cf. expansum

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


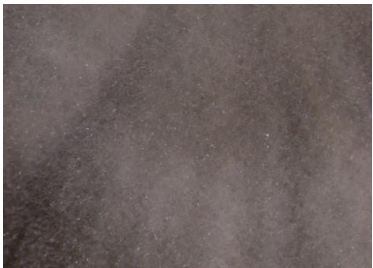
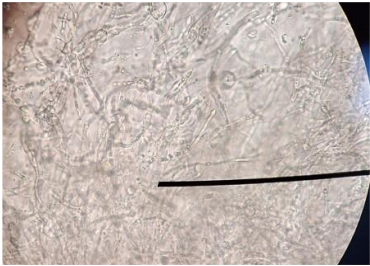
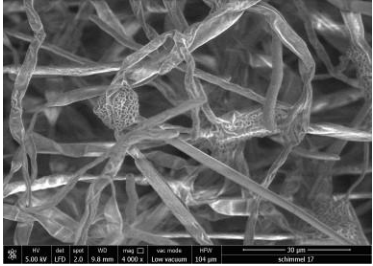
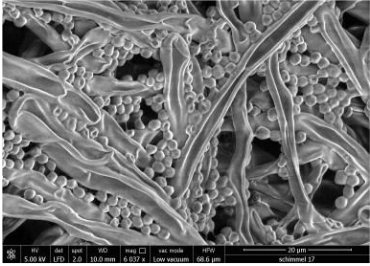
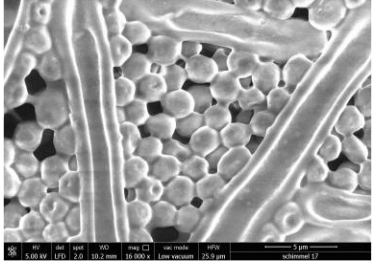
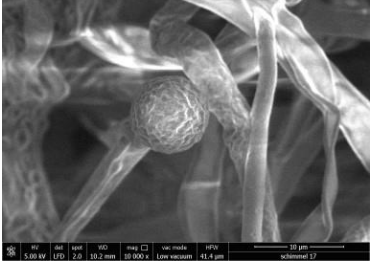
Reincultuur 16

Cladosporium sp.

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

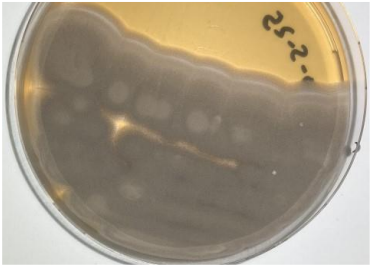


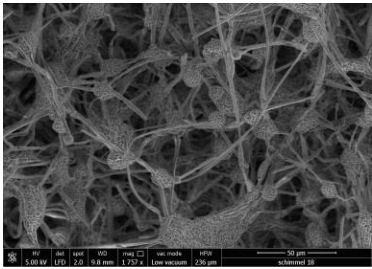
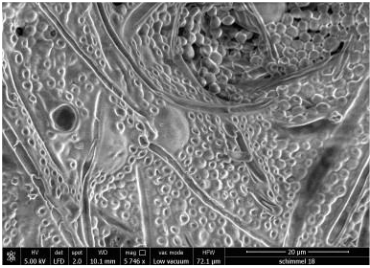
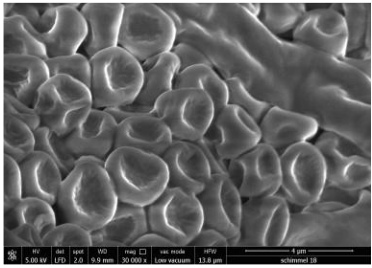
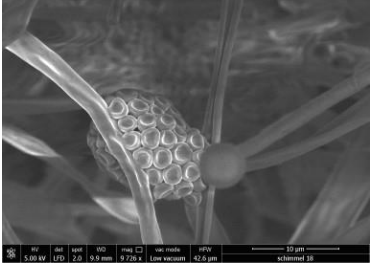
Reincultuur 17

Umbelopsis brunnea

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


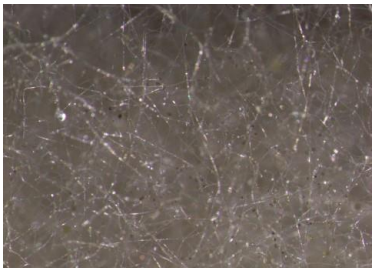

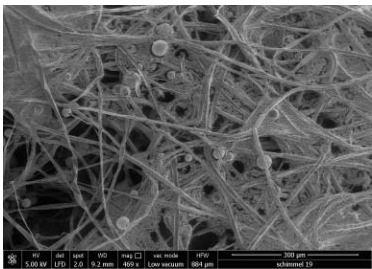
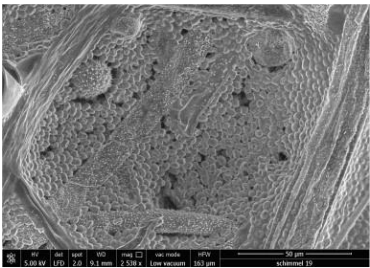
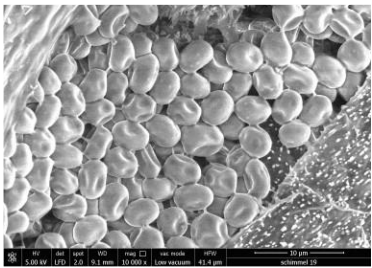
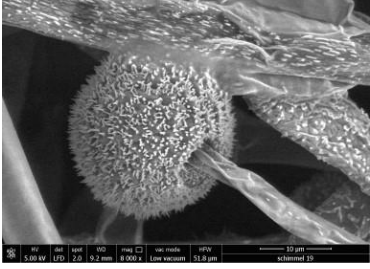
Reincultuur 18

Umbelopsis cf. brunnea

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



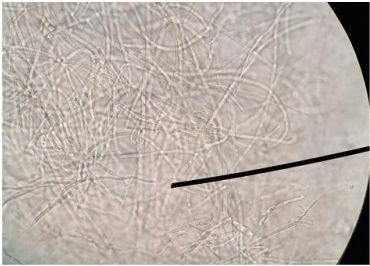
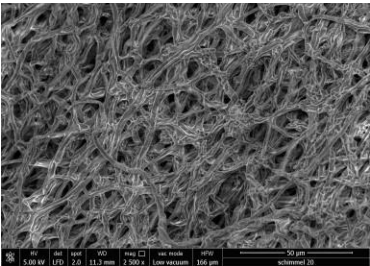
Reincultuur 19

Mucor circinelloides

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

Reincultuur 20

Pleurotus ostreatus (gewone oesterzwam)

<p>Beschrijving</p> <p>Kleur: wit Structuur: dik, lang pluig Groeiwijze: traag uitlopend Afbraak: lignine, cellulose, hemicellulose</p>	<p>Reincultuur</p> 
<p>Stereomicroscop (2x)</p> 	<p>Microscop (400x)</p> 
<p>SEM draden</p>  <p>SEI HV 5.00 kV X10.0k WD 11.5 mm MAG 2.500x Vac. Mode Low vacuum 100.0um 50.0um</p>	<p>SEM sporenvorming</p>
<p>SEM sporen</p>	

Bijlage 12. Resultaten van metabarcoding

2.1.2 Taxonomic Composition of Samples

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

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

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

Sample Name (read counts)		
Taxonomic Level	Taxonomic Unit	Fraction
M1.ITS1b (18 818 reads)		
	Ascomycota (92 OTUs with 99-100% identity in 230-257bp to: 2 unclassified Paecilomyces strains, 4 unclassified Penicillium strains, 8 unclassified Aspergillus strains, Aspergillus alabamensis, Aspergillus citrinotereus, Aspergillus hortai, Aspergillus terreus, Blumeria graminis, Byssosclamyces spectabilis, Gloeotinia temulentia, Neobulgaria koningiana, Paecilomyces macimus, Penicillium aeneum, Penicillium citreonigrum, Penicillium citreosulfuratum, Penicillium toxicarium, Polycyphalomyces sinensis, Xylaria psidii)	99.1%
p		
s	Fuscoporia contigua (1 OTU with 99% identity in 262bp to: Fuscoporia contigua)	0.7%
g	Aspergillus (2 OTUs with 100% identity in 246-248bp to: 3 unclassified Aspergillus strains, Aspergillus fumigatus, Aspergillus neoellipticus)	0.2%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
M10.ITS1b (12 842 reads)		
s	Mucor circinelloides (24 OTUs with 99-100% identity in 268-270bp to: Mucor circinelloides)	49.4%
g	Mucor (16 OTUs with 99-100% identity in 270-286bp to: 8 unclassified Mucor strains, Mucor brunneogriseus, Mucor circinelloides, Mucor corticola, Mucor hiemalis, Mucor plumbeus, Mucor racemosus)	34.8%
s	Rhizopus microsporus (3 OTUs with 99-100% identity in 399bp to: Rhizopus microsporus)	5.4%
s	Fuscoporia contigua (1 OTU with 99% identity in 262bp to: Fuscoporia contigua)	3.6%
k	Eukaryota (2 OTUs with 99-100% identity in 209bp to: 3 unclassified Fusarium strains, Citrullus lanatus, Fusarium caucasicum, Fusarium cf. oxysporum, Fusarium oxysporum, Fusarium verticillioides, Humicola sp.)	3.5%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: Umbelopsis isabellina)	0.9%
g	Fusarium (1 OTU with 100% identity in 212bp to: 4 unclassified Fusarium strains, Fusarium acuminatum, Fusarium arthrosporioides, Fusarium avenaceum, Fusarium californicum, Fusarium cf. avenaceum, Fusarium cf. solani, Fusarium cf. tricinatum, Fusarium flocciferum, Fusarium lateritium, Fusarium petasariae, Fusarium redolens, Fusarium reticulatum, Fusarium sambucinum, Fusarium sinensis, Fusarium solani, Fusarium tricinatum)	0.5%
g	Pseudoascochyta (1 OTU with 100% identity in 199bp to: Pseudoascochyta novae-zelandiae, Pseudoascochyta pratensis)	0.4%
g	Sordaria (1 OTU with 100% identity in 249bp to: 4 unclassified Sordaria strains, Sordaria fimicola)	0.4%
g	Trichoderma (1 OTU with 100% identity in 284bp to: 2 unclassified Trichoderma strains, Trichoderma koningi, Trichoderma longibrachiatum, Trichoderma orientale, Trichoderma reesei, Trichoderma viride)	0.3%
s	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: Mucor hiemalis)	0.3%
g	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified Mortierella strains, Mortierella elongata)	0.2%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: Umbelopsis sp. YNW-2018a)	0.2%
s	Umbelopsis ramanniana (1 OTU with 100% identity in 235bp to: Umbelopsis ramanniana)	0.1%

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

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

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

M15.ITS1b (21 834 reads)

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

M16.ITS1b (19 576 reads)

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

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

M17.ITS1b (19 825 reads)

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

M18.ITS1b (18 807 reads)

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

M19.ITS1b (25 252 reads)

O	Mucorales (48 OTUs with 99-100% identity in 249-255bp to: 5 unclassified Rhizopus strains, <i>Amylomyces rouxii</i> , <i>Rhizopus americanus</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus stolonifer</i>)	55.8%
G	Trichoderma (44 OTUs with 99-100% identity in 245-268bp to: 6 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma speciosum</i>)	30.2%
S	Rhizopus oryzae (15 OTUs with 98-100% identity in 252-274bp to: <i>Rhizopus oryzae</i>)	10.8%
G	Rhizopus (5 OTUs with 99-100% identity in 254-276bp to: 2 unclassified <i>Rhizopus</i> strains, <i>Rhizopus delemar</i> , <i>Rhizopus oryzae</i>)	1.2%
G	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor</i> sp.)	0.5%
S	Trichoderma vinosum (2 OTUs with 99-100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma vinosum</i>)	0.3%
S	Trichoderma sp. JCM 28099 (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma</i> sp. JCM 28099)	0.2%
S	Trichoderma atroviride (1 OTU with 99% identity in 246bp to: <i>Trichoderma atroviride</i>)	0.2%
G	Cystobasidium (1 OTU with 100% identity in 199bp to: <i>Cystobasidium minutum</i> , <i>Cystobasidium slooffiae</i> , <i>Cystobasidium</i> sp. P2)	0.2%
S	Trichoderma sp. M03 (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma</i> sp. M03)	0.1%
S	Aspergillus sp. BF8 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Aspergillus</i> sp. BF8)	0.1%
f	Aspergillaceae (1 OTU with 100% identity in 247bp to: 3 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus tubingenis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.1%
G	Aspergillus (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Aspergillus neolepticus</i> , <i>Aspergillus</i> sp.)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M2.ITS1b (13 772 reads)		
S	Fuscoporia contigua (23 OTUs with 98-99% identity in 260-262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	42.7%
P	Ascomycota (19 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	27.0%
G	Trichoderma (9 OTUs with 99-100% identity in 244-284bp to: 7 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma rasei</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	17.8%
G	Rhizopus (1 OTU with 100% identity in 254bp to: <i>Rhizopus delemar</i> , <i>Rhizopus oryzae</i> , <i>Rhizopus</i> sp. ACCC 30795)	9.3%
G	Penicillium (3 OTUs with 100% identity in 235bp to: 5 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium mackennaniae</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	1.6%
S	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis</i> sp. YNW-2018a)	0.7%
S	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.7%
S	Trichoderma sp. JCM 28532 (1 OTU with 100% identity in 245bp to: <i>Trichoderma</i> sp. JCM 28532)	0.2%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M20.ITS1b (20 370 reads)		
G	Trichoderma (46 OTUs with 99-100% identity in 242-284bp to: 26 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma afroharzianum</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma aureoviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum BT-2012</i> , <i>Trichoderma cf. harzianum MO-2014</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothaeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma guizhouense</i> , <i>Trichoderma hamatum</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma lxi</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma rasei</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma tawa</i> , <i>Trichoderma virens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	39.1%
S	Umbelopsis isabellina (21 OTUs with 99-100% identity in 236-238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	22.3%
P	Ascomycota (8 OTUs with 99-100% identity in 233-235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	11.1%

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

M21.ITS1b (22 011 reads)

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

M22.ITS1b (16 257 reads)

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

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

M23.ITS1b (20 382 reads)

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

g	Naganishia (1 OTU with 100% identity in 227bp to: <i>Naganishia friedmannii</i> , <i>Naganishia globosa</i>)	0.1%
s	Hormonema viticola (1 OTU with 100% identity in 236bp to: <i>Hormonema viticola</i>)	0.1%
	Other (3 OTUs with 0.3%)	0.3%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M24.ITS1b (20 551 reads)		
g	Trichoderma (53 OTUs with 99-100% identity in 242-284bp to: 22 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothoeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma raei</i> , <i>Trichoderma samuelsii</i> , <i>Trichoderma tritiae</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i> , <i>Trichoderma viridula</i>)	75.6%
g	Mucor (4 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: 3 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor brunneogriseus</i> , <i>Mucor circinaloides</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	10.2%
s	Umbelopsis isabellina (3 OTUs with 99-100% identity in 237-238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	6.3%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (2 OTUs with 99-100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	6.1%
p	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	1.4%
s	Acremonium cavaraeanum (1 OTU with 92% identity in 225bp to: <i>Acremonium cavaraeanum</i>)	0.2%
s	Trichoderma koningii (1 OTU with 100% identity in 267bp to: <i>Trichoderma koningii</i>)	0.1%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M25.ITS1b (18 832 reads)		
g	Trichoderma (68 OTUs with 99-100% identity in 242-281bp to: 8 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma appalachense</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma citrinoviride</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorothoeae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningii</i> , <i>Trichoderma koninglopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma paraviridescens</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	56.1%
s	Fuscoportia contigua (59 OTUs with 99% identity in 257-262bp to: <i>Fuscoportia contigua</i>)	32.8%
s	Corticium confine (2 OTUs with 99-100% identity in 270bp to: <i>Corticium confine</i>)	3.2%
p	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	2.3%
s	Coniochaeta sp. YP363 (3 OTUs with 99-100% identity in 225bp to: <i>Coniochaeta sp. YP363</i>)	1.7%
s	Umbelopsis isabellina (3 OTUs with 99-100% identity in 237-238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.1%
g	Penicillium (2 OTUs with 100% identity in 234-235bp to: 5 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Penicillium carminoviolaceum</i> , <i>Penicillium macleaniae</i> , <i>Penicillium roseopurpureum</i> , <i>Penicillium sanguifluum</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium vaccaeorum</i>)	0.8%
g	Mortierella (1 OTU with 100% identity in 208bp to: 5 unclassified <i>Mortierella</i> strains, <i>Mortierella elongata</i>)	0.6%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.5%
g	Mucor (1 OTU with 100% identity in 284bp to: 2 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor hiemalis</i>)	0.2%
s	Kockovaella prillingeri (1 OTU with 93% identity in 183bp to: <i>Kockovaella prillingeri</i>)	0.2%
f	Aspergillaceae (1 OTU with 100% identity in 247bp to: 3 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus tubingenensis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus sp.</i>)	0.1%
s	Fellomyces penicillatus (1 OTU with 100% identity in 179bp to: <i>Fellomyces penicillatus</i>)	0.1%
	Other (2 OTUs with 0.2%)	0.2%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	
<hr/>		
M3.ITS1b (17 091 reads)		

g	Trichoderma (70 OTUs with 99-100% identity in 243-268bp to: 12 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorostheae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningiitii</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	81.8%
s	Fuscoporia contigua (5 OTUs with 98-99% identity in 262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	15.4%
s	Trichoderma vinosum (2 OTUs with 99-100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma vinosum</i>)	0.6%
p	Ascomycota (1 OTU with 100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	0.6%
g	Penicillium (3 OTUs with 99-100% identity in 235-238bp to: <i>Penicillium chrysogenum</i> , <i>Penicillium chrysogenum complex sp. LM-2019</i> , <i>Penicillium commune</i> , <i>Penicillium dipodomycicola</i> , <i>Penicillium granulatum</i> , <i>Penicillium lagena</i> , <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium oregonense</i> , <i>Penicillium parviterreosum</i> , <i>Penicillium rubens</i> , <i>Penicillium smithii</i> , <i>Penicillium sp.</i>)	0.5%
g	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i> , <i>Mucor sp.</i>)	0.3%
s	Niesslia exilis (1 OTU with 94% identity in 218bp to: <i>Niesslia exilis</i>)	0.3%
s	Trichoderma atroviride (1 OTU with 100% identity in 246bp to: <i>Trichoderma atroviride</i>)	0.2%
	Other (3 OTUs with 0.3%)	0.3%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M4.ITS1b (10 077 reads)

g	Trichoderma (44 OTUs with 99-100% identity in 244-284bp to: 10 unclassified <i>Trichoderma</i> strains, <i>Trichoderma atroviride</i> , <i>Trichoderma caribbaeum</i> , <i>Trichoderma dingleyae</i> , <i>Trichoderma dorostheae</i> , <i>Trichoderma dorothopsis</i> , <i>Trichoderma gamsii</i> , <i>Trichoderma harzianum</i> , <i>Trichoderma koningiitii</i> , <i>Trichoderma koningiopsis</i> , <i>Trichoderma longibrachiatum</i> , <i>Trichoderma orientale</i> , <i>Trichoderma ovalisporum</i> , <i>Trichoderma rosei</i> , <i>Trichoderma speciosum</i> , <i>Trichoderma viride</i> , <i>Trichoderma viridescens</i>)	77.0%
s	Fuscoporia contigua (2 OTUs with 99% identity in 262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	8.5%
p	Ascomycota (3 OTUs with 99-100% identity in 235bp to: 3 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	8.0%
g	Mucor (2 OTUs with 100% identity in 270-284bp to: 2 unclassified <i>Mucor</i> strains, <i>Mucor hiemalis</i> , <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	2.5%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	1.8%
g	Penicillium (1 OTU with 100% identity in 235bp to: <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	0.7%
s	Cryptococcus sp. R133 (1 OTU with 100% identity in 222bp to: <i>Cryptococcus sp. R133</i>)	0.5%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.5%
s	Mucor hiemalis (1 OTU with 100% identity in 284bp to: <i>Mucor hiemalis</i>)	0.3%
f	Aspergillaceae (1 OTU with 100% identity in 247bp to: 3 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus tubingensis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus sp.</i>)	0.3%
	Other (0 OTU with 0.0%)	0.0%
	Unclassified (0 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M5.ITS1b (18 099 reads)

p	Ascomycota (66 OTUs with 99-100% identity in 230-257bp to: 4 unclassified <i>Penicillium</i> strains, <i>Blumeria graminis</i> , <i>Penicillium aeneum</i> , <i>Penicillium citreonigrum</i> , <i>Penicillium citreosulfuratum</i> , <i>Penicillium toxicarium</i>)	68.7%
s	Fuscoporia contigua (7 OTUs with 98-99% identity in 262bp to: <i>Fuscoporia contigua</i>)	18.8%
s	Niesslia exilis (4 OTUs with 94% identity in 218bp to: <i>Niesslia exilis</i>)	6.9%
s	Talaromyces rotundus (3 OTUs with 99% identity in 244bp to: <i>Talaromyces rotundus</i>)	1.8%
g	Mucor (1 OTU with 100% identity in 270bp to: <i>Mucor plumbeus</i> , <i>Mucor racemosus</i>)	0.8%
g	Penicillium (2 OTUs with 99-100% identity in 235-238bp to: <i>Penicillium lagena</i> , <i>Penicillium mackennantiae</i> , <i>Penicillium oregonense</i> , <i>Penicillium parviterreosum</i> , <i>Penicillium smithii</i>)	0.7%
s	Thyronectria caudata (1 OTU with 86% identity in 225bp to: <i>Thyronectria caudata</i>)	0.4%
s	Umbelopsis sp. YNW-2018a (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis sp. YNW-2018a</i>)	0.4%

s	Kockovaella prillingeri (1 OTU with 93% identity in 183bp to: <i>Kockovaella prillingeri</i>)	0.3%
f	Aspergillaceae (1 OTU with 100% identity in 247bp to: 3 unclassified <i>Aspergillus</i> strains, <i>Aspergillus awamori</i> , <i>Aspergillus foetidus</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus tubingenis</i> , <i>Aspergillus welwitschiae</i> , <i>Penicillium georgiense</i> , aff. <i>Aspergillus</i> sp.)	0.2%
s	Arachnomyces sp. (1 OTU with 95% identity in 265bp to: <i>Arachnomyces</i> sp.)	0.2%
s	Monocillium tenue (1 OTU with 99% identity in 219bp to: <i>Monocillium tenue</i>)	0.2%
s	Acremonium cavaraeanum (1 OTU with 84% identity in 224bp to: <i>Acremonium cavaraeanum</i>)	0.2%
s	Umbelopsis isabellina (1 OTU with 100% identity in 238bp to: <i>Umbelopsis isabellina</i>)	0.1%
s	Blastobotrys sp. AB-2017a (1 OTU with 83% identity in 200bp to: <i>Blastobotrys</i> sp. AB-2017a)	0.1%
	Other (1 OTU with 0.1%)	0.1%
	Unclassified (273 reads)	
	Filtered (0 reads)	

M6.ITS1b (20 919 reads)

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

M7.ITS1b (14 903 reads)

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

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

M8.ITS1b (19679 reads)

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

M9.ITS1b (18044 reads)

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

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

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

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

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

Bijlage 13. Geslachten per monstertype, metabarcoding

Tabel 35: Groep A, geslachten enkel aanwezig op onaangetast riet (1)

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

Tabel 36: Groep B, geslacht enkel aanwezig op rand schimmelplek (2)

Geslacht
<i>Thyronectria</i>

Tabel 37: Groep C, geslacht aanwezig op schoon en onaangetast riet (1)

Geslacht
<i>Aspergillus</i>

Tabel 38: Groep D, geslachten aanwezig op onaangetast riet (1) en rand schimmelplek (2)

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

Tabel 39: Groep E, geslachten aanwezig op rand schimmelplek (2) en in kern schimmelplek (3)

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

Tabel 40: Groep F, geslachten aanwezig op onaangetast riet (1), rand schimmelplek (2) en in kern schimmelplek (3)

Geslacht
<i>Coniochaeta</i>
<i>Kockovaella</i>
<i>Mortierella</i>
<i>Mucor</i>
<i>Penicillium</i>

<i>Trichoderma</i>
<i>Umbelopsis</i>

Tabel 41: Groep G, geslachten enkel aanwezig in kern schimmelplek (3)

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

Tabel 42: Groep H, geslachten aanwezig op onaangetast riet (1) en in kern schimmelplek (3)

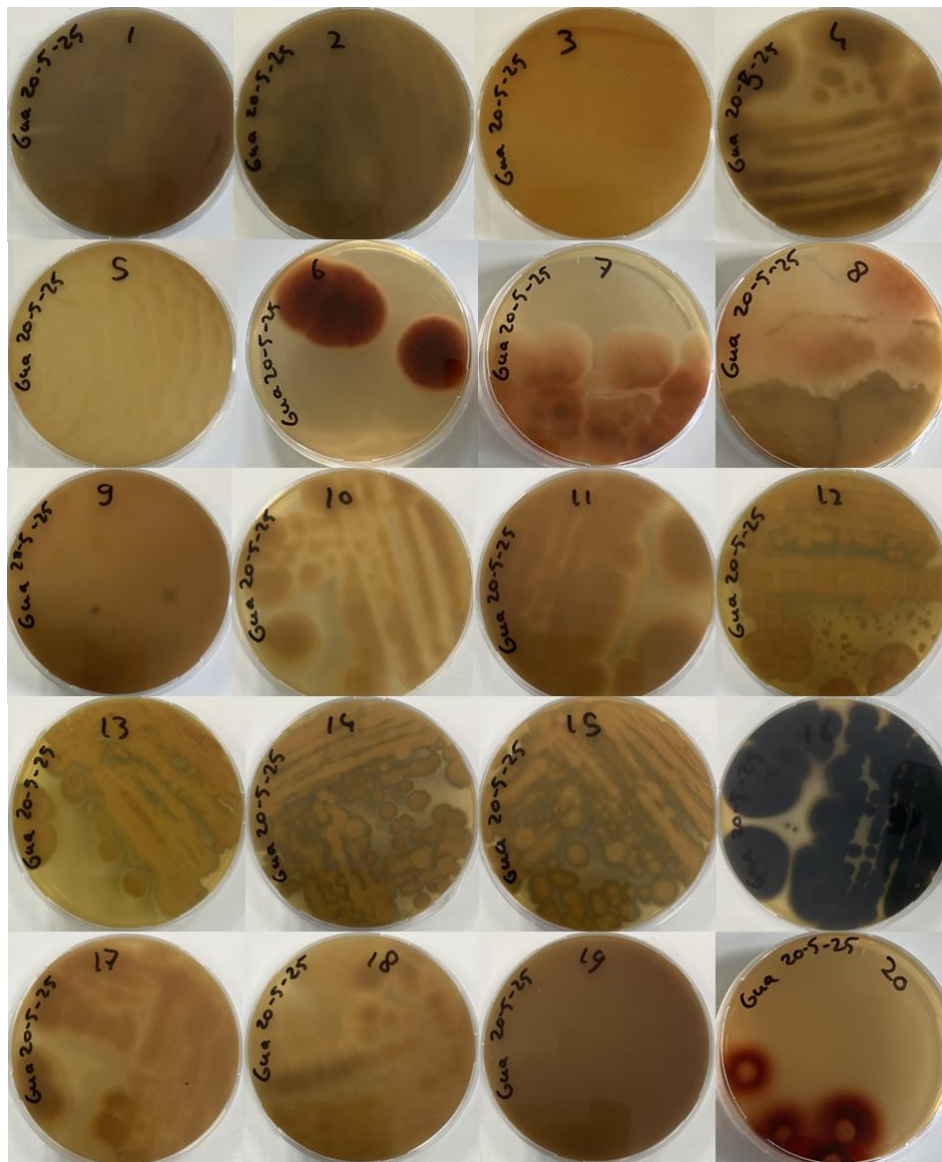
Geslacht
<i>Aureobasidium</i>
<i>Coniophora</i>
<i>Corticium</i>
<i>Cryptococcus</i>
<i>Fusarium</i>
<i>Mollisia</i>
<i>Naganishia</i>

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

Tabel 43: Groep I, geslacht aanwezig op schoon riet, rand schimmelplek (2) en in kern schimmelplek (3)

Geslacht
<i>Fuscoporia</i>

Bijlage 14. Enzymplaten voor de afbraak van lignine



Figuur 30: Overzicht van de enzymplaten waarop de schimmels zijn geënt die zijn opgestuurd voor identificatie. Met deze enzymplaten is aangetoond met een roodbruine verkleuring of dat de schimmel lignine kan afbreken. De identificatienummers zijn te zichtbaar op de platen op volgorde van linksboven naar rechtsonder.