



Fig.1 – Vasche campionate durante il primo sopralluogo.

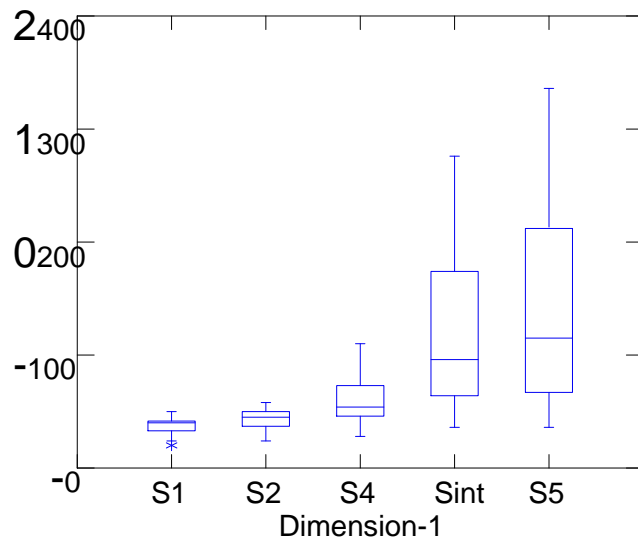


Fig. 2 – Box Plot relativo ai valori di salinità (‰) registrati mensilmente durante il periodo 2013-2014.

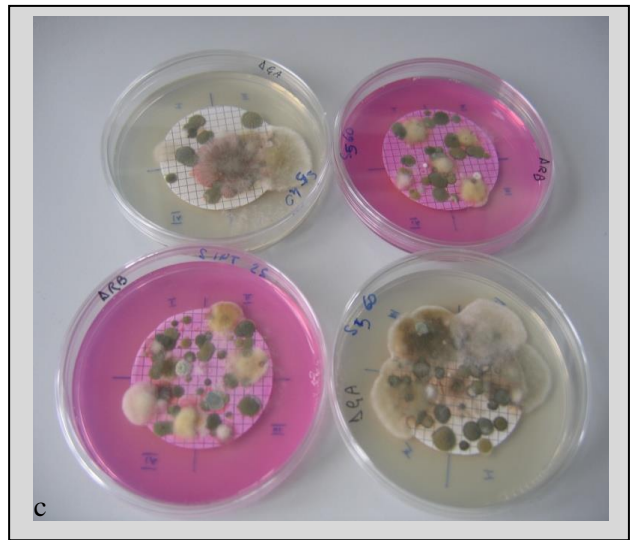
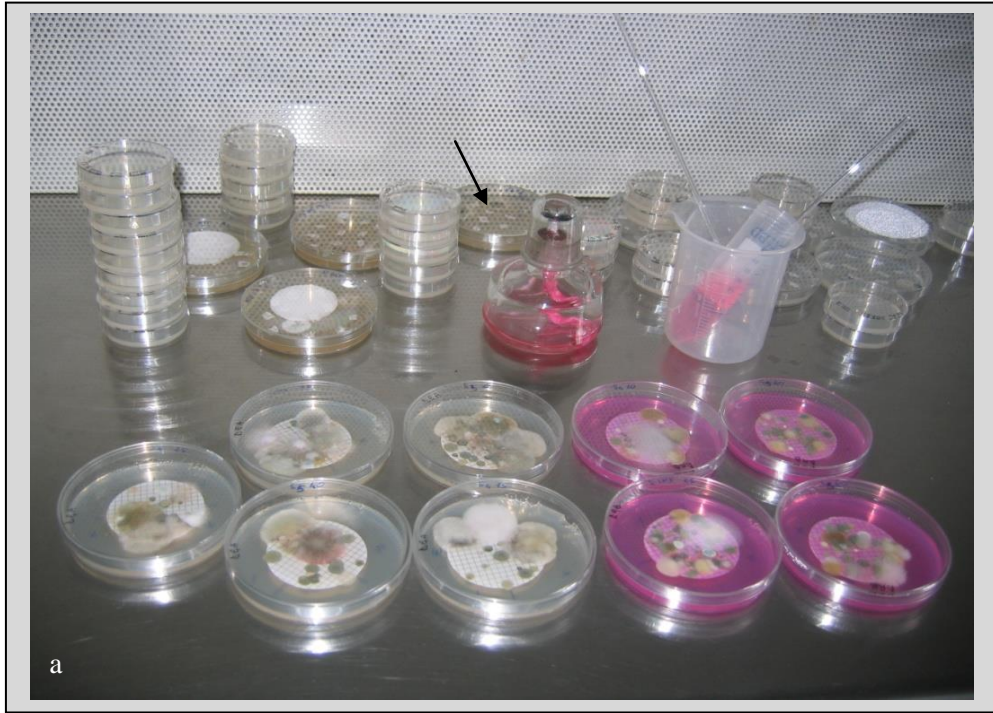
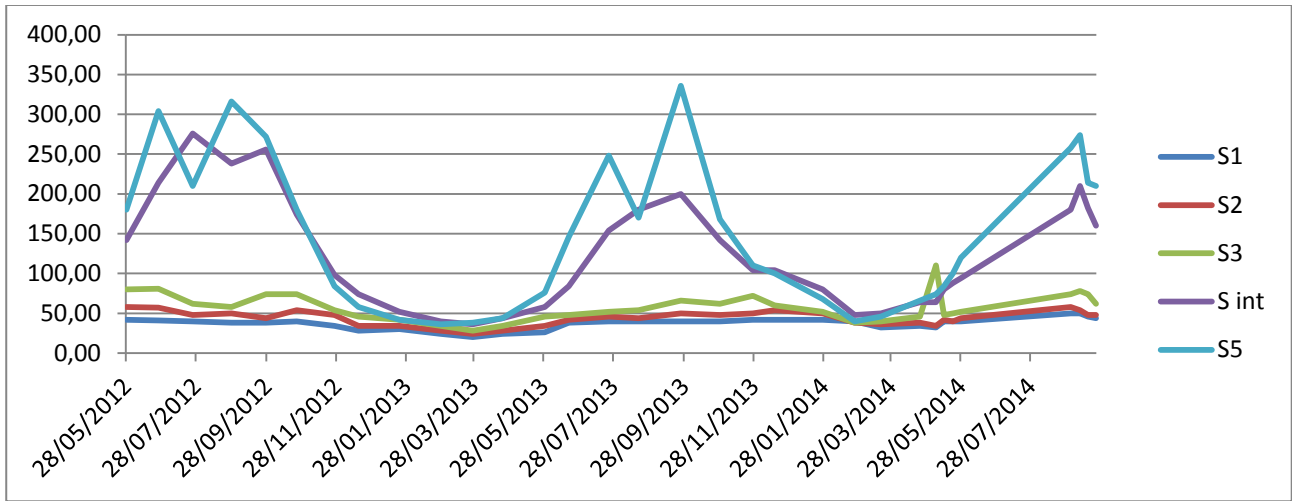
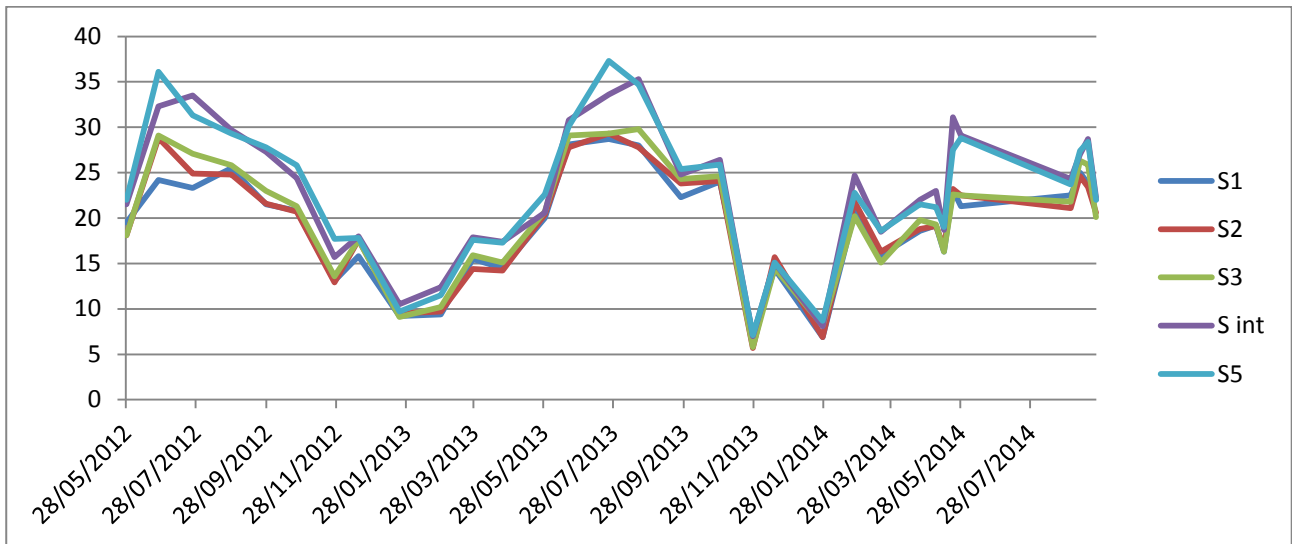


Fig. 3 – Allestimento dei campioni per l'isolamento dei funghi (a – freccia, b) e per la conta totale (a, b, c).

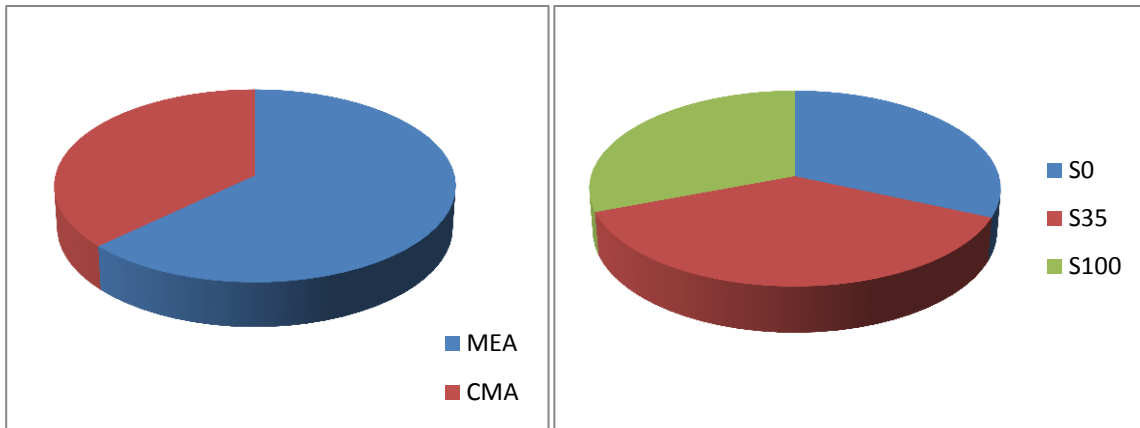


a



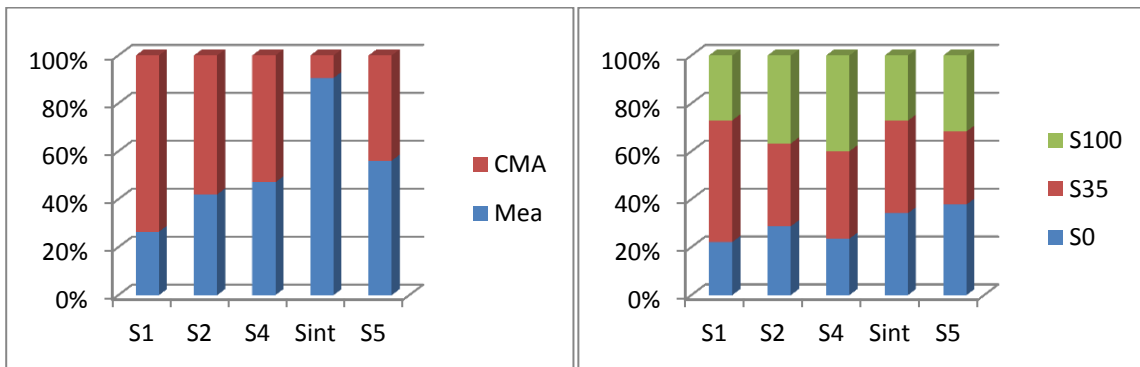
b

Fig. 4a,b – Analisi ambientale: salinità (‰) e temperatura (°C) registrati nelle vasche campionate.



a

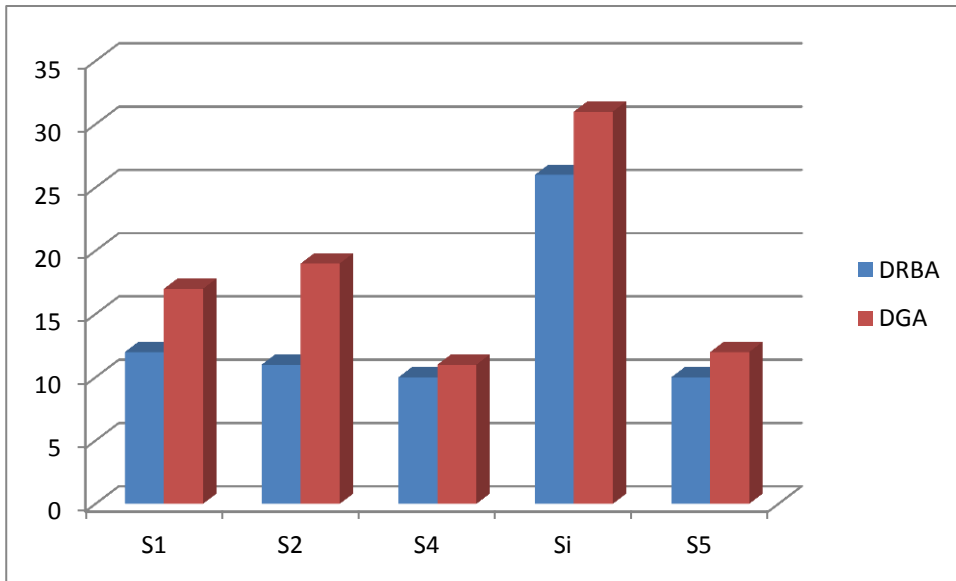
b



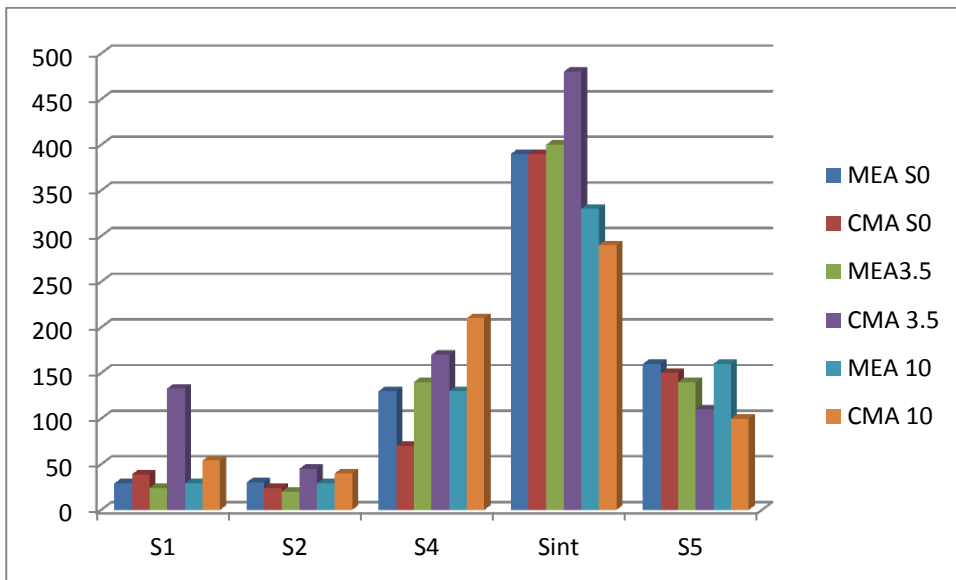
c

d

Fig. 5– Percentuale globale delle colonie identificate su CMA, MEA per l'intera comunità (a) e nelle singole vasche (c); percentuale globale delle colonie identificate a diverse salinità (b) e nelle singole vasche campionate (d).



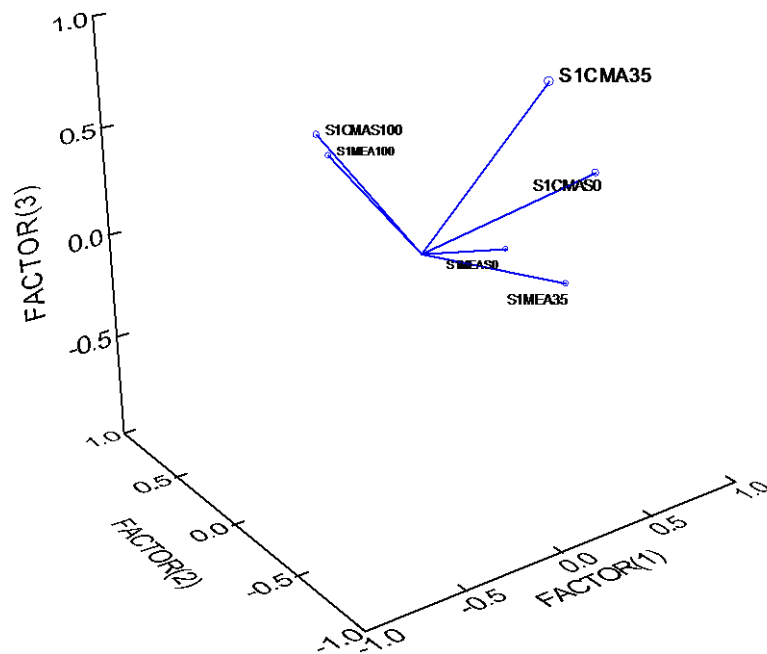
a



b

Fig.6 - Conta totale relativa a 10 ml di filtrato delle UFC su DG-18 e DRBA nei cinque siti (a); UFC isolate da 100 ml di filtrato su CMA e MEA alle diverse salinità nei cinque siti (b)

Vasca S1



a

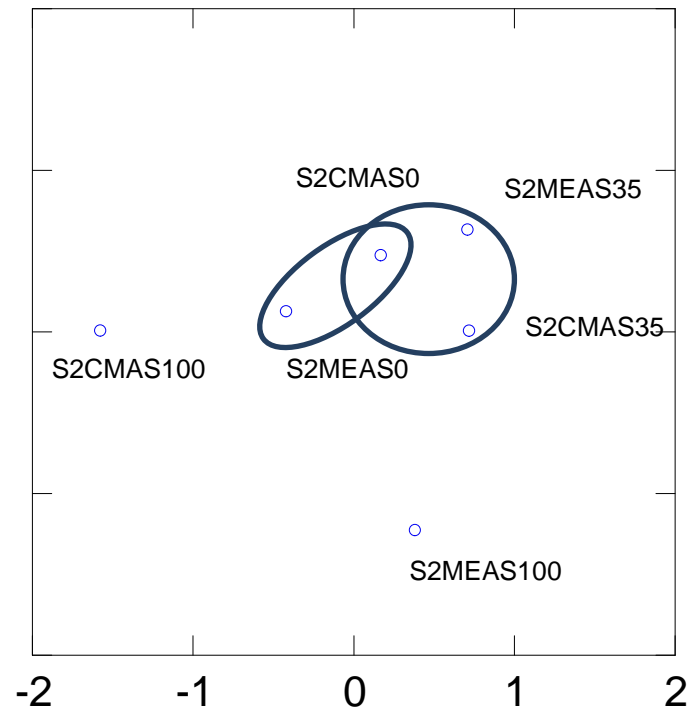
Percent of Total Variance Explained: Factor (1) - 36, Factor (2)-25, Factor (3)- 18

	S1MEAS0	S1CMAS0	S1MEA35	S1CMA35	S1MEA100
S1MEAS0	1.000				
S1CMAS0	0.486	1.000			
S1MEA35	0.609	0.501	1.000		
S1CMA35	-0.018	0.465	0.107	1.000	
S1MEA100	0.259	-0.032	-0.077	-0.076	1.000
S1CMAS100	0.099	-0.090	-0.083	-0.041	0.377*

b

Fig. 7– Vasca S1: a - PCA ottenuta utilizzando la matrice di correlazione tra i microbiota isolati su CMA e MEA alle differenti salinità (S0, S35, S100); b – Indice di correlazione di Pearson, in bold sono riportati i valori che sono risultati statisticamente significativi (P>99, *P>90) al test di Bonferroni.

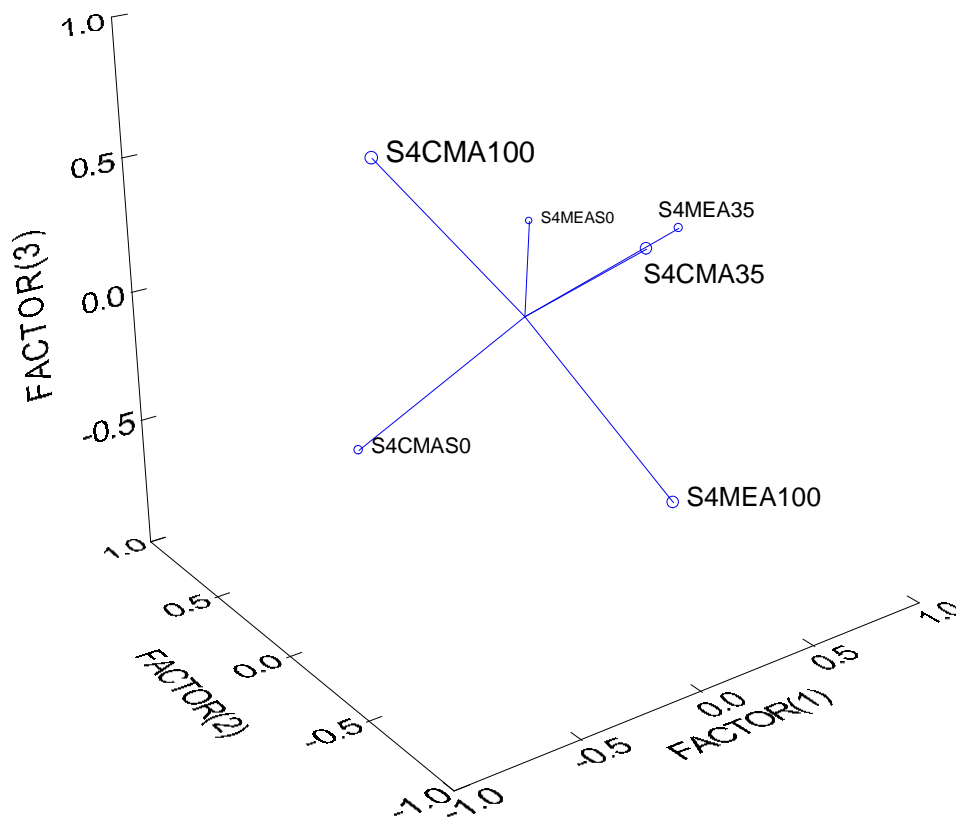
Vasca S2



	S2MEAS0	S2CMAS0	S2MEAS35	S2CMAS35	S2MEAS100
S2MEAS0	1.000				
S2CMAS0	0.346*	1.000			
S2MEAS35	0.061	0.447	1.000		
S2CMAS35	0.041	0.636	0.510	1.000	
S2MEAS100	0.001	-0.071	-0.120	0.065	1.000
S2CMAS100	0.065	-0.047	-0.126	-0.147	-0.128

Fig. 8– Vasca S2: a - nMDS ottenuta utilizzando la matrice di correlazione tra i microbiota isolati su CMA e MEA alle differenti salinità (S0, S35, S100); b – Indice di correlazione di Pearson, in bold sono riportati i valori che sono risultati statisticamente significativi ($P > 99$, $*P > 95$) al test di Bonferroni.

Vasca S4



a

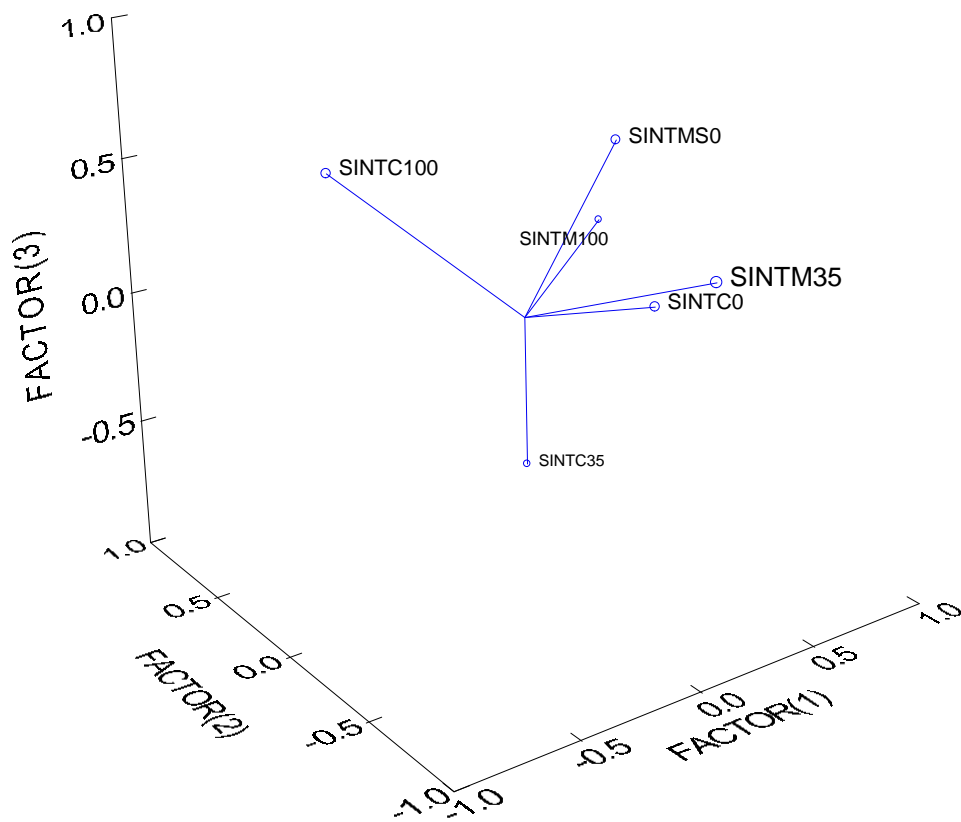
Percent of Total Variance Explained: Factor (1) – 22.35, Factor (2)-21.9, Factor (3)- 18.8

	S4MEAS0	S4CMAS0	S4MEA35	S4CMA35	S4MEA100
S4MEAS0	1.000				
S4CMAS0	-0.060	1.000			
S4MEA35	0.172	-0.170	1.000		
S4CMA35	-0.183	-0.159	0.038	1.000	
S4MEA100	-0.234	-0.203	-0.015	-0.112	1.000
S4CMA100	-0.150	-0.131	-0.159	-0.149	-0.190

b

Fig. 9 – Vasca S4: a - PCA ottenuta utilizzando la matrice di correlazione tra i microbiota isolati su CMA e MEA alle differenti salinità (S0, S35, S100); b – Indice di correlazione di Pearson, nessun valore è risultato statisticamente significativo ($P > 90\%$) al test di Bonferroni.

Vasca Sint



a

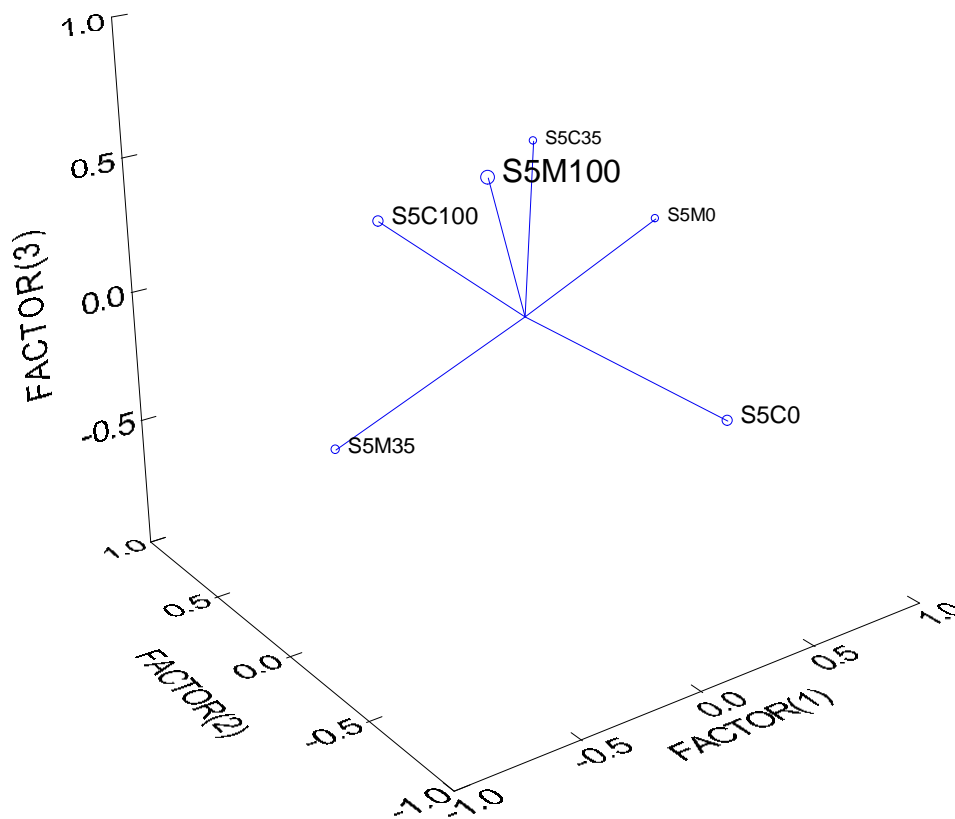
Percent of Total Variance Explained: Factor (1) – 22.05, Factor (2)-18.9, Factor (3)- 18.04

	SINTMS0	SINTC0	SINTM35	SINTC35	SINTM100
SINTMS0	1.000				
SINTC0	0.027	1.000			
SINTM35	0.064	0.002	1.000		
SINTC35	-0.044	-0.042	-0.054	1.000	
SINTM100	0.227	0.170	0.099	0.184	1.000
SINTC100	-0.046	-0.135	-0.171	-0.110	0.057

b

Fig. 10 – Vasca Sint: a - PCA ottenuta utilizzando la matrice di correlazione tra i microbiota isolati su CMA e MEA alle differenti salinità (S0, S35, S100); b – Indice di correlazione di Pearson, nessun valore è risultato statisticamente significativo ($P > 90\%$) al test di Bonferroni.

Vasca S5



a

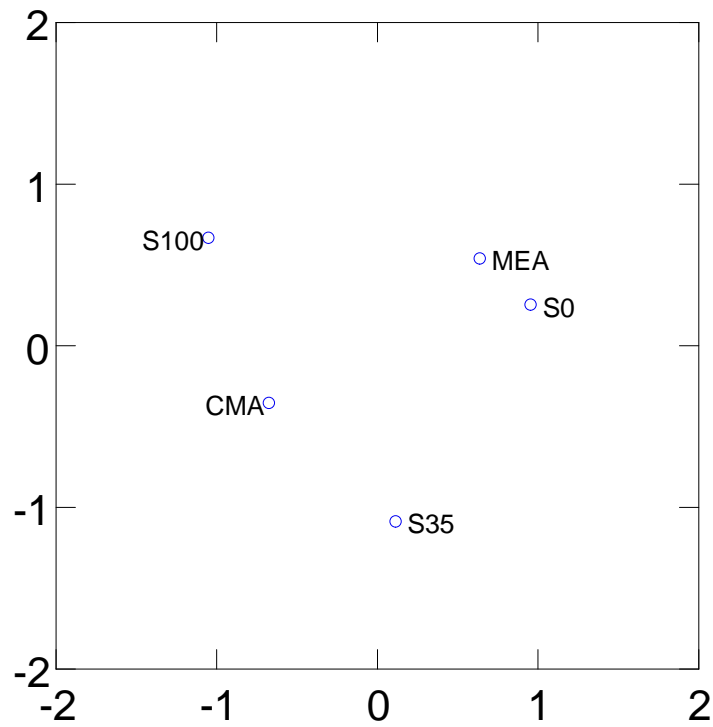
Percent of Total Variance Explained: Factor (1) – 26.12, Factor (2)-20.07, Factor (3)- 19.58

	S5M0	S5C0	S5M35	S5C35	S5M100
S5M0	1.000				
S5C0	0.087	1.000			
S5M35	-0.219	-0.242	1.000		
S5C35	0.320	-0.091	-0.094	1.000	
S5M100	-0.215	-0.182	-0.194	-0.108	1.000
S5C100	-0.152	-0.128	0.070	0.070	0.067

b

Fig. 11 – Vasca S5: a - PCA ottenuta utilizzando la matrice di correlazione tra i microbiota isolati su CMA e MEA alle differenti salinità (S0, S35, S100); b – Indice di correlazione di Pearson, nessun valore è risultato statisticamente significativo ($P > 90\%$) al test di Bonferroni.

Confronto Globale



a

	S0	S35	S100	MEA	CMA
S0	1.000				
S35	0.369	1.000			
S100	0.146	0.229	1.000		
MEA	0.748	0.583	0.415	1.000	
CMA	0.398	0.664	0.680	0.357	1.000

b

Fig. 12 – Confronto globale dell'intera comunità fungina isolata nelle 5 vasche: a - nMDS ottenuta utilizzando la matrice di correlazione tra i microbiota isolati su CMA e MEA alle differenti salinità (S0, S35, S100); b – Indice di correlazione di Pearson, in bold i valori dell'indice statisticamente significativi ($P > 95\%$) al test di Bonferroni.

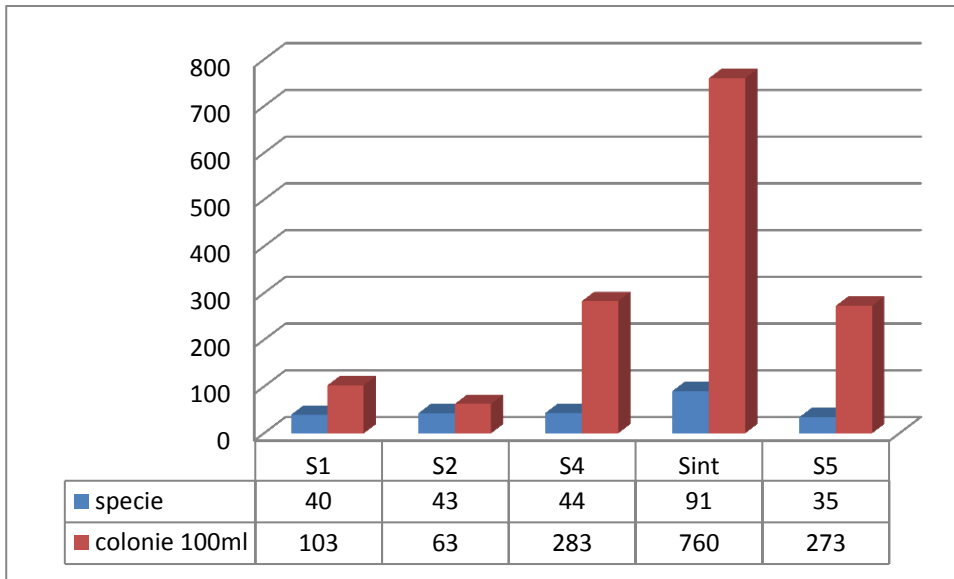
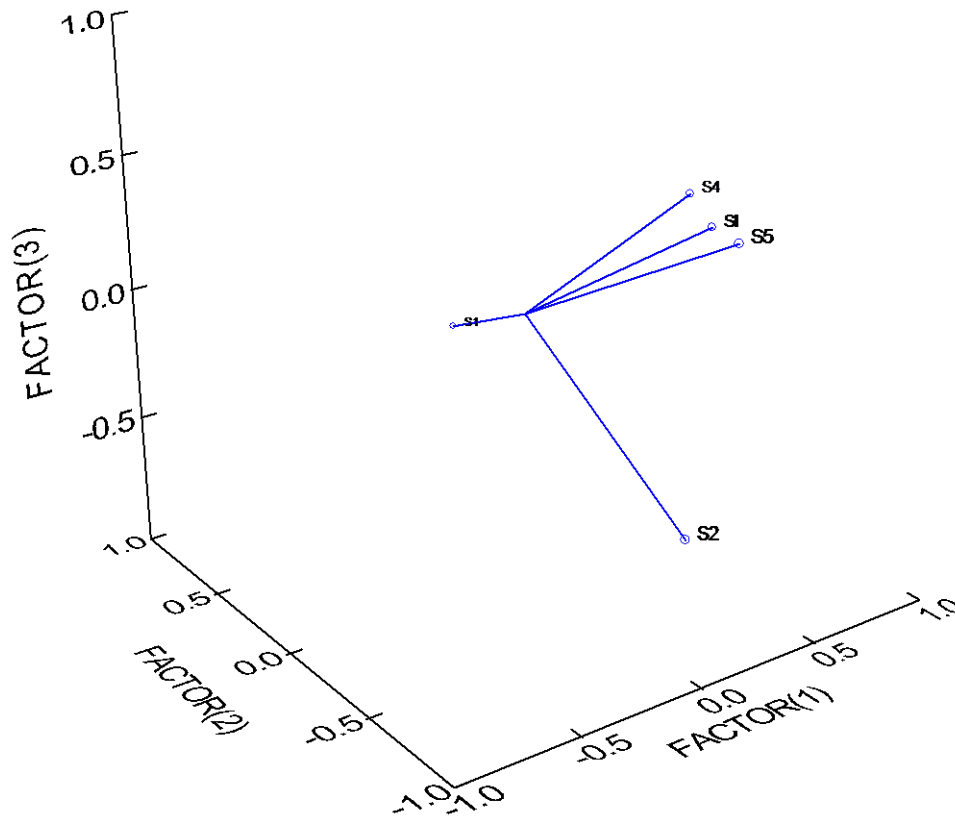


Fig. 13 – Numero di specie e di colonie registrato nei cinque siti di campionamento.



a

Percent of Total Variance Explained: Factor (1) – 44.84, Factor (2)-20.10, Factor (3)- 18.14

	S1	S2	S4	SI	S5
S1	1.000				
S2	0.035	1.000			
S4	0.186*	0.126	1.000		
SI	0.172*	0.219	0.670	1.000	
S5	0.027	0.214	0.478	0.516	1.000

b

Fig. 14 – Confronto tra i biota fungini isolati nelle vasche esaminate. a –PCA ottenuta utilizzando la matrice di correlazione; b – Indice di correlazione di Pearson, in bold i valori dell'indice statisticamente significativi ($P > 99\%$, $*P > 95\%$) al test di Bonferroni.