

TARTU ÜLIKOOL
LOODUS- JA TÄPPISTEADUSTE VALDKOND
MOLEKULAAR- JA RAKUBIOLOOGIA INSTITUUT

Lisann Adamson

**Kodutolmus leiduvate mikroorganismide mitmekesisus ja neid mõjutavad
tegurid**

Bakalaureusetöö

12 EAP

Juhendaja PhD Jane Oja

Kaasjuhendaja PhD Leho Tedersoo

TARTU 2021

INFOLEHT

Kodutolmus leiduvate mikroorganismide mitmekesisus ja neid mõjutavad tegurid

Inimesed veedavad suurema osa oma elust siseruumides, olles ümbritsetud erinevate mikroorganismidega (seened, bakterid, loomad jms). Enamus mikroorganismidest on inimesele kahjutud, kuid siiski leidub ka tervisele kahjulikke mikroorganisme. Hoolimata nende tähtsusest meie tervisele, teame kodudes leiduvatest liikidest suhteliselt vähe. Käesolevas bakalaureusetöös uuritakse kolme erineva kodu siseruumide tolmus leiduvate loomade mitmekesisust ja neid mõjutavaid tegureid. Antud uuringus leiti suure läbilaskevõimega sekveneerimine abil tolmuproovides 187 loomariiki (Metazoa) kuuluvat liiki. Esindatud olid lülijalgsete, rõngussid, ümarussid, keriloomad ja naastloomad. Lülijalgsete hõimkonnast olid kõige liigirikkamad ning sagedasemad putukate, hooghännaliste ja ämblikulaadsete klassid ning kõige sagedasemad liigid kodutolmulest (*Dermatophagoides farinae*), hooghännaline *Willowsia nigromaculata* ja kõdutäiline *Dorypteryx domestica*.

CERCS kood: B230 Mikrobioloogia, bakterioloogia, viroloogia, mükoloogia

Märksõnad: siseruumi bioom, lülijalgsete, sisekeskkond, tolm

Diversity of microorganisms in house dust and factors its affecting

People spend most of their time indoors, surrounded by various microorganisms (fungi, bacteria, animals, etc.). Although most microorganisms are harmless to humans, some microorganisms have adverse health effects. Despite their importance to health, we know relatively little about the species found in homes. This bachelor's thesis characterizes the diversity of animals in the house dust in three homes and factors its affecting. In this study, via high-throughput sequencing 187 animal species (Metazoa) were found from dust samples. Arthropods, annelids, nematodes, rotifers and placozoans were represented. Of arthropods, insects, springtails and arachnids were the most species rich and frequent orders, and the most common species were house dust mite (*Dermatophagoides farinae*), springtail (*Willowsia nigromaculata*) and barklice (*Dorypteryx domestica*).

CERCS code: B230 Microbiology, bacteriology, virology, mycology

Keywords: Indoor biome, arthropods, built environment, dust

SISUKORD

INFOLEHT.....	2
SISUKORD	3
KASUTATUD LÜHENDID	4
SISSEJUHATUS	5
1. KIRJANDUSE ÜLEVAADE.....	6
1.1 Sisekeskkond ja inimese tervis	6
1.2 Tolmus leiduvad mikroorganismid.....	7
1.2.1 Bakterid	8
1.2.2 Seened.....	9
1.2.3 Loomad.....	11
1.3 Sisekeskkonna uurimismeetodid	13
2. EKSPERIMENTAALOSA	16
2.1 Töö eesmärgid	16
2.2 Materjal ja meetodika.....	16
2.2.1 Valimi kirjeldamine.....	16
2.2.2 Molekulaarsed meetodid	17
2.2.3 Andmeanalüüs	18
2.3 Tulemused ja arutelu	19
KOKKUVÕTE	24
Summary.....	25
TÄNUSÕNAD	26
KASUTATUD KIRJANDUS	27
KASUTATUD VEEBIAADRESSID	34
LISAD	35
Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja üldsusele kättesaadavaks tegemiseks	44

KASUTATUD LÜHENDID

bp – aluspaar (*base pair*)

HTS – suure läbilaskevõimega sekveneerimine (*high-throughput sequencing*)

OTU – taksonoomiline üksus (*operational taxonomic unit*)

PCR – polümeraasi ahelreaktsioon (*polymerase chain reaction*)

SISSEJUHATUS

Inimesed veedavad suurema osa oma igapäevast elust siseruumides, kus neid ümbritsevad erinevad mikroorganismid. Siseruumides leiduvate mikroorganismide mitmekesisus võib olla väga suur, sest nendeks võivad olla sajad bakteri-, seene- ning loomaliigid. Suurem osa kodudes elavaid mikroobe paikneb tolmus, kuna tolm sisaldab neile eluks soodsaid tingimusi (Prussin & Marr, 2015). Kuigi enamik mikroorganisme on kahjutud, esineb siseruumides lisaks selliseid mikroobe, kes võivad kahjustada inimese tervist. Mikroorganismide poolt põhjustatud siseõhu kvaliteedi halvenemine on esmalt mureks ruumide kasutajatele, kuid samas põhjustab suurt muret ka rahvusvaheliste terviseorganisatsioonide jaoks (Li, 2016). Siseruumide puhul on rohkem uuritud bakterite ning seente mitmekesisust ja nendest tulenevaid terviseriske. Hoopis vähem on teada siseruumides leiduvatest loomadest (lüljalgsest) ja neid mõjutavatest teguritest, ehkki erinevad loomad võivad olla kodudes kas toidu, taimede- või tekstiili kahjuritena, hoone puidust konstruktsioonide või mööbli kahjustajad või hoopis haiguste levitajad ja allergeenide tootjad (Bertone *et al.*, 2016). Üks põhjuseid miks antud valdkond on loomade osas vähe uuritud, on olnud uurimismeetodite keerukus, spetsialiste leidmine ja välja koolitamine ja ajakulu (Barberán *et al.*, 2015). Seevastu tänu tehnoloogia kiirele arengule on viimasel ajal ilmunud rohkem erinevaid uuringuid ka sisekeskkonnas leiduvatest loomadest. Selle tulemusena on tekkimas terviklikum arusaam kodudes asuvate mikroorganismide mitmekesisusest ning millised tegurid neid mõjutavad ja lõpuks kuidas oleks võimalik ennetada või vähendada siseruumidega seotud haiguste teket.

Käesoleva töö eesmärk on uurida kodutolmus leiduvate loomade (lüljalgsete) mitmekesisust ja analüüsida nende muutusi proovivõtukohtades ja ajas. Bakalaureusetöö eksperimentaalne osa viidi läbi Tartu Ülikooli ökoloogia ja maateaduste instituudi mükoloogia laboris.

1. KIRJANDUSE ÜLEVAADE

1.1 Sisekeskkond ja inimese tervis

Tänapäeval veedab inimene suurema osa oma igapäevasest elust siseruumides (Verdier *et al.*, 2014), mille alla kuuluvad nii kodu, töökoht, kool, avalikud ruumid (kauplused, söögikohad jne) kui ka sõidukid (Melymuk *et al.*, 2020). Seetõttu on inimese füüsilisele, vaimsele ja sotsiaalse heaolule väga oluline siseruumide „terve“ seisukord. Siseruumides tagab parema õhukvaliteedi korralik ventilatsioon, kuna see vähendab patogeensete mikroorganismide levikut (Kembel *et al.*, 2012; Meadow *et al.*, 2014). Normaalses sisekeskkonnas on olemas erinevad mikroorganismid, kuid nende arvukused peavad olema omavahel tasakaalus. Siseruumidest on tuvastatud mitmeid mikroorganisme, mis on kasulikud astmaatikutele ja allergikutele, näiteks mõned loomadega seotud mikroobid nagu *Lactobacillus johnsonii* (Dannemiller, 2019). Kodutolmust on leitud ka inimese soolestikule kasulikke baktereid sugukondadest: *Prevotellaceae*, *Lachnospiraceae* ja *Ruminococcae* (Ruokolainen *et al.*, 2016). Ühes põllumajandusega tegelevas talus läbi viidud uuringus selgus, et sealsetes siseruumides on suurenenud gramnegatiivsete bakterite hulk. Need bakterid kaitsevad inimese organismi erinevate allergiate eest ja tagavad tugevama immuunsuse (Schuijs *et al.*, 2015).

Siseruumide kvaliteedi halvenemise üks peamisi põhjusi on tolmus ja õhus leiduvad kahjulikud mikroobid (Shan *et al.*, 2019; Wilson & Platts-Mills, 2018). On leitud, et ehitiste pindadel ja õhus olevad mikroorganismid mõjutavad inimese tervist nii otseselt kui ka kaudselt. Sagedased probleemid tervisega on seotud niiske sisekeskkonnaga, kuna sealsed tingimused on väga soodsad erinevate mikroorganismide kasvamiseks ja paljunemiseks. Siseruumides võib leida ligikaudu mitusada seene- ja bakteriliiki (Heseltine & Rosen, 2009; Verdier *et al.*, 2014). Suuremas osas mõjutavad inimese tervist hallitusseente toodetud toksiidid, mis tekitavad nii inimestel kui ka loomadel toksikoosi, katkestades või ärritades keharakkude protsesse molekulaarsel tasandil (Loeffert *et al.*, 2019). Allergiahooge on enim seostatud järgmiste seeneperekondadega: *Cladosporium*, *Alternaria*, *Botrytis*, *Epicoccum*, *Fusarium*, *Aspergillus* ja *Penicillium* (Sharpe *et al.*, 2015; Żukiewicz-Sobczak, 2013). Hallitusseeni liik *Aspergillus flavus* toodab inimesele väga kahjulikke mükotoksiine, mis kuuluvad aflatoksiinide hulka. Lisaks on ohtlikud *Stachybotrys chartarum* poolt toodetav satratoksiin, mis võib kergesti põhjustada terviseprobleeme (Hyde *et al.*, 2018). Seeneeostes ja fragmentides on paljusid ühendeid, mis mõjutavad inimese tervist. Nende hulka kuuluvad struktuursed ühendid, näiteks ergosterool ja 1,3 beeta-D-glükaan, mis on iseloomulik kõikidele seentele. Lisaks kuuluvad

sinna veel ensüümid, mittelenduvad metaboolsed produktid, nagu mükotoksiinid, ja lenduvad orgaanilised ühendid näiteks alkoholid, aldehüüdid ja estrid (Rintala *et al.*, 2012).

Lisaks leidub eluruumides mitmeid loomi ning valdavalt on nendeks lüljalgsete ehk artropoodide hõimkonda kuuvad liigid, kellest mõned mõjutavad inimese tervist (Martin *et al.*, 2015). Artropoodid on haiguste levitajad ja allergeenid (Madden *et al.*, 2016). Allergeen on aine, mis toob esile allergilise reaktsiooni (Heinaru *et al.*, 2020). Allergeenid ärritavad ka meie koduloomi. Mõned lüljalgsed levitavad siseruumides haigusetekitajaid ja antibiootikumidele resistentseid mikroorganisme, mis samuti kahjustavad inimese tervist. Näiteks tolmulestad ja prussakad eraldavad õhku allergeene, mis põhjustavad allergilist nohu, astmat ja atoopilist ekseemi (Madden *et al.*, 2016).

1.2 Tolmus leiduvad mikroorganismid

Enamus siseruumides elavaid mikroorganisme paikneb tolmus, kuna tolm sisaldab neile eluks soodsaid tingimusi (Prussin & Marr, 2015). Tolm on orgaaniliste ja anorgaaniliste osakeste kogum, mis satub õhku ja püsib seal hõljuvana mõnda aega (Li, 2016). Põhiliselt koosneb tolm loomade karvadest, naharakkudest, tekstiilikiudest ning väliskeskkonnast pärinevates osakestest nagu liiv, suits (tahm) jms (Rintala *et al.*, 2012). Aastas koguneb kodudes keskmiselt kuni 18 kg tolmu (Prussin & Marr, 2015). Tolmu leidub peaaegu kõikjal: põrandal, rõivastel, tekstiilidel, raamatutel ja mööblil. Siseruumide tolmu kooslused ja neid mõjutavad tegurid on ühes piirkonnas või ruumis suhteliselt sarnased. Näiteks magamistoa põrandatolmu proovides domineerivad mikroorganismid, mis pärinevad seal magavatelt inimestelt, aga teiste tubade proovides pärinevad mikroorganismid võivad olla pärit väliskeskkonnast (Bech-Andersen, 2004). Tolmu koostises võib olla mitusada bakteri- ja seeneliiki ning kümneid lüljalgseid (Li, 2016). Ameerika teadlaste poolt läbi viidud uuringus leiti siseruumidest kogutud tolmuproovidest kokku keskmiselt 7000 liiki baktereid ja 2000 liiki seeni (Adams *et al.*, 2016). USA-s Põhja-Carolina piirkonnas märgati, et majapidamistolm sisaldab üle 100 lüljalgse liigi (Martin *et al.*, 2015). Siseruumide mikroobide kooslusi kujundavad nii sise- kui ka väliskeskkonna tegurid. Nendeks on peamiselt geograafiline piirkond, ehitise tüüp, inimeste tegevus, ventilatsioonisüsteemid ja lemmikloomade olemasolu (Adams *et al.*, 2015b). Põhja-Ameerikas läbi viidud uuringus tuli välja, et siseruumide ning väliskeskkonna tolmus leiduvate mikroorganismide kooslused on erinevad. Siseruumidest leitud seente mitmekesisus sõltus

geograafilisest piirkonnast ja väliskeskkonnateguritest. Bakterite ja loomade kooslusi seevastu mõjutavad majades elavad inimesed ja lemmikloomad (Barberán *et al.*, 2015).

Tolmus esinevate mikroorganismide analüüs aitab hinnata sisekeskkonna kvaliteeti ja elanike kokkupuuteid erinevate mikroorganismidega (Li, 2016). Varasemad uuringud on näidanud, et osa metaboolseidprodukte ja lenduvaid orgaanilisi ained, mida seemed ja bakterid toodavad, reostavad sisekeskkonda ja on inimeste tervisele ohtlikud (Wu *et al.*, 2021).

1.2.1 Bakterid

Bakterid on üks arvukamaid ja liigirikkamaid mikroorganisme (Horner-Devine *et al.*, 2004). Neid võib leida väga erinevatest kasvukeskkondadest, alustades süvamerest ning lõpetades inimese seedetraktiga. Bakterid võivad kasvada väga erinevatel temperatuuridel, varieerudes 8–65 °C vahemikus. Enamus baktereid eelistab kasvada neutraalses keskkonnas, pH vahemikus 6,5–7. Aluseline ja happeline keskkond pigem ei sobi neile. Siseruumides leiduvate bakterite puhul on märgatud, et nad vajavad kasvuks niiskemat keskkonda, seetõttu on ka bakterite arvukus suurem just vannitubades ja köögis (Gupta *et al.*, 2019). Seda on kinnitanud ka õhuniiskuse ja bakterite arvukuse uuring, kus leiti, et õhuniiskuse tõustes suurenes märgatavalt ka bakterite arvukus õhus (Brągoszewska *et al.*, 2017). Lisaks on leitud mitmeid baktereid, kes eelkõige eelistavad kasvada niisketes tingimustes. Üheks näiteks on bakterite perekond *Legionella*, kes võivad põhjustada leginelloosi ehk leegionäride haigust ja hingamisteede haigusi, mis on eriti raskekujulised just eakatele (Prussin & Marr, 2015).

Kodutolm koosneb nii surnud kui ka elusatest bakterirakkudest, endosporidest ja muudest eostest (Rintala *et al.*, 2012). Hoonetes leidub nii gramnegatiivseid kui ka grampositiivseid baktereid (Verdier *et al.*, 2014), kuigi grampositiivseid domineerivad (Prussin & Marr, 2015). Mitmed siseruumide mikroobikoosluste uuringud on leidnud, et kolm kõige levinumat bakterite hõimkonda siseruumides on Proteobacteria, Actinobacteria ja Firmicutes (Adams *et al.*, 2015a; Gupta *et al.*, 2019; Lemons *et al.*, 2017; Wu *et al.*, 2021). Kõigi nimetatud hõimkondade puhul on täheldatud, et need satuvad siseruumidesse inimese nahalt ja kehasisestelt organilt, näiteks seedetraktist (Täubel *et al.*, 2009; Wu *et al.*, 2021), seega on inimesel oluline roll siseruumide tolmu ja õhus leiduvate bakterite levitamisel (Yamamoto *et al.*, 2015). Hõimkond Firmicutes esineb sageli ruumides nendel pindadel, millega inimesed puutuvad kokku, näiteks köögikapi

pinnad, ukse lingid, valamud. Sarnaseid seoseid leidsid ka Adams jt (2015b) oma uuringus ning tõid lisaks välja, et köögipindadel olevas tolmus on rohkesti toiduga seotuid baktereid ja vannitoas domineerivad nahaga seotud bakterid. Hingamisteedes ja süljes olevad bakterid satuvad siseruumide õhku köhimise, aevastamise, rääkimise ja hingamise ajal. Näiteks võib nii sattuda tolmu koostisesse ka tuberkuloositekitaja *Mycobacterium tuberculosis* (Prussin & Marr, 2015). Soomes viidi läbi siseruumi uuring bakteri mitmekesisuse hindamiseks ja leiti, et ruumides on väga levinud inimese käärsoolest pärit bakterid perekondadest: *Clostridium*, *Peptostreptococcus* ja *Ruminococcus* (Rintala *et al.*, 2008). Üldiselt on siseruumides kõige sagedasemad bakterite perekonnad: *Staphylococcus*, *Corynebacterium*, *Lactococcus* ja *Actinobacteria* (Prussin & Marr, 2015). Perekonna tasemel uuringud on lisaks näidanud, et kodudes, kus on suurem osa mehi, domineerisid bakterid *Corynebacterium*, *Dermabacter* ja *Roseburia*, aga naiste puhul tuli esile *Lactobacillus* (Prussin & Marr, 2015).

Kuigi siseruumide bakteriaalses koosluses mängivad suurt rolli seal elavad inimesed, esineb ka teisi faktoreid. Piirkonnad, mis ei ole otseses kontaktis inimese nahaga näiteks põrandad, sisaldavad baktereid, mida leidub mullas (Gupta *et al.*, 2019). Samas geograafilisel asukohal on bakterite kooslustele väike mõju (Barberán *et al.*, 2015). Prussin ja Marr (2015) leidsid, et majades, kus elavad lemmikloomad, on tolmu koostises üsna palju baktereid. Koertega seostati bakteri perekondi *Porphyromonas*, *Moraxella*, *Bacteroides*, *Arthrobacter*, *Blautia*, *Cladosporium* ja *Neisseria* ning kassidega *Prevotella*, *Porphyromonas*, *Jeotgalicoccus*, *Sporosarcina*, *Moraxella* ja *Bifidobacterium*. Lax jt (2014) leidsid, et kodudes, kus elavad lemmikloomad, domineeris Proteobacteria.

1.2.2 Seened

Seente liigiline mitmekesisus on väga suur ning neil on oluline roll ökosüsteemis (Nevalainen *et al.*, 2015). Seeni leidub igal pool meie ümber: õhus, mullas, loomadel, taimedel, inimese nahal ja organismis (Nevalainen *et al.*, 2015). Seente aktiivsus mõjutab taime- ja loomakooslusi ning ökosüsteemi. Seente mõju on näha taimede genoomides, inimese immuunsüsteemi talitluses ja mulla koosluses. Suurem osa seeneliikidest on saprotroofid. See tähendab, et nad on võimelised lagundama keerukaid polümeere, näiteks tselluloosi ja kitiini surnud orgaanilisest materjalist (Peay *et al.*, 2016). Siseruumide mükobioomi moodustavad peamiselt kserofiilsed ehk kuivalembesed hallitusseened ja nahaga seotud pärmseened (Martin-Sanchez *et al.*, 2020). Kodutolmu sisalduses pärinevate seente komponendid sisaldavad eoseid, eoste

kogumeid, hüüfe, seenemügaraid ehk sklerootsiume ja viljakehade fragmente. Kõige sagedamini esinevad kodutolmus mitmed seeneliigid perekondadest *Cladosporium*, *Penicillium* ja *Aspergillus*, kuid lisaks võib leida ka puitu lagundavaid seeni (*Serpulaceae*) ja inimestega seotud pärmseeni perekondadest *Candida* ja *Saccharomyces* (Prussin & Marr, 2015). Eelkõige räägitakse kodutolmus leiduvate seente või üldiselt siseruumide seente koosluste puhul hallitustest ehk hallitusseentest, kuid antud termin on kunstlik ning hõlmab mitmeid seeni erinevatest perekondadest ning isegi erinevatest hõimkondadest. Hallitused katavad oma kasvusubstraadi mõne päevaga ning sellisel juhul on nad nähtavad kas mustade, hallide, roheliste või valgete laikudena, ja lisaks võivad tekitada kopituse lõhna. Siseruumides kasvavad seened ei ole toitainete suhtes väga valivad, ent eelistavad kasvada orgaanilistel materjalidel (Samson *et al.*, 2010). Seeni esineb koduses majapidamises sageli riknenud puuviljadel, juurviljadel või teistel toiduainetel. Samuti võib neid leida kasvamas ülekastetud toataimede muldadel. Seente kõrgemat kontsentratsiooni kodutolmus seostatakse siseruumides olevate taimedega (Nevalainen *et al.*, 2015; Prussin & Marr, 2015). Siseruumides võivad seened samuti põhjustada ehitusmaterjalide saastumist (Martin-Sanchez *et al.*, 2020). Ruumid, kus on probleemiks kõrge õhuniiskus või kus on olnud veekahjustusi, sobivad väga hästi mikrosete kasvamiseks (Martin-Sanchez *et al.*, 2020). Paljud veekahjustused on tingitud looduskatastroofidest (üleujutused), hoone sisestest veeavariidest (torude lekked) või ehitustehnilistest vigadest. Niisketel pindadel on suurem seente leviku oht, kuna vee aktiivsus on seente kasvu määrav tegur (Andersen *et al.*, 2011). Seente levimus on veekahjustustega hoonetes kolm korda suurem kui normaalse niiskusega majades (Adams *et al.*, 2016). Siseruumides esineb suhteliselt palju niiskust, see võib-olla tingitud duši all käimise, toiduvalmistamise, kütmise ja jahutamise tagajärjel (Nevalainen *et al.*, 2015). Vähesed mikroorganismid kasvavad keskkonnas, kus õhuniiskus on alla 65%. Hüdrofiilsed mikroorganismid vajavad 90-95% õhuniiskust (Pasanen *et al.*, 2000). Niiskuskahjustustega hoonetes on levinumad perekonnad *Aspergillus*, *Penicillium*, *Cladosporium*, *Eurotium* ja *Chaetomium* (Adams *et al.*, 2016). Prussin ja Marr (2015) kinnitasid uuringus, et perekondade *Aspergillus* ja *Penicillium* liigid on niiskuskahjustusega hoonetes domineerivad.

Esimeses ülemaailmses siseruumides leiduvate seente uuringus avastati, et parasvöötme piirkonnas paiknevates hoonetes on seente mitmekesisus suurem kui troopika piirkonnas (Amend *et al.*, 2010). Sellest tulenevalt leiti, et laiuskraad on mükobioomi elurikkuse parim ennustaja. DNA-põhised uuringud tolmust on näidanud, et kliima, hoone omadused ja elanike eluviis on peamised tegureid mükobioomi moodustamisel. Nendest kliima mõjutab seente mitmekesisust kõige rohkem (Martin-Sanchez *et al.*, 2020). Aastaaegadel on suur mõju

seenekooslustele (Adams *et al.*, 2013; Pitkäranta *et al.*, 2008). Talvel on seente kontsentratsioon madalam kui teistel aastaegadel (Nevalainen *et al.*, 2015; Shan *et al.*, 2019). Seente kogus on eriti madal detsembris ja jaanuaris, kuna lumi katab talvel maad ning ka mikroobide kontsentratsioonid on välisõhus madalamad. Kõrgeim kontsentratsioon on suve- ja sügiskuudel, sest siis on seente kasvuks sobivad keskkonnatingimused (Casas *et al.*, 2013; Kaarakainen *et al.*, 2009; Rintala *et al.*, 2012). Austraalias läbi viidud uuringus oli seente kontsentratsioon suurem just talvel (Dharmage *et al.*, 2002). See on tingitud sellest, et mandrite kliima on aastaegadel erinev (Nevalainen *et al.*, 2015).

Hoonete siseselt võivad seente kooslused olla lisaks mõjutatud elanikest, kliimaseadmetest, ventilatsioonist ja lemmikloomadest (Prussin & Marr, 2015). Mitmed seeneliigid on seotud inimese nahaga. Seened eraldavad eosid; osade seeneliikide kontsentratsioon siseruumides on kõrgem kui välisõhus. Yamamoto jt (2015) leidsid, et klassiruumide tolm oli rikastatud nahaga seotud pärmseentega (*Rhodotorula*, *Candida*, *Cryptococcus*, *Malassezia* ja *Trichosporon*), kuna klassides on inimeste hulk suur. Majades, kus puudub sundventilatsioon, ehk kus tuulutatakse ruume vaid akende abil, domineerivad välisõhust pärinevad bakterid ja seened (Adams *et al.*, 2016). Sundventilatsiooniga majades on seente mitmekesisus väiksem kui loomuliku ventilatsiooniga ruumides (Niculita-Hirzel *et al.*, 2020). Ventilatsioonisüsteem võib olla mikroobide allikaks, kui seda ei hooldata nõuetekohaselt (Adams *et al.*, 2015a). Sisepindadele kondenseeruv õhuniiskus või vesi soodustavad hallituse kasvu. Lisaks toimib ka pindadele kogunev mustus toitainete substraadina. Õhufiltrid võivad toetada mikroobide paljunemist, kuna seal on piisavalt niiskust (Nevalainen *et al.*, 2015). Kuigi sundventilatsiooniga hoonetes on mikroorganismide mitmekesisus sarnane (Shan *et al.*, 2019), on täheldatud siiski erinevusi seenekooslustes aurutusjahutiga ventilatsiooniga (EC) majade ning konditsioneeriga (AC) majade vahel. Konditsioneeriga hoonetes olid levinumad seeneperekonnad *Cryptococcus* ja *Aspergillus*, aga aurutusjahutiga hoonetes leiti Pleosporales seltsi kuulvaid seentaksonid *Alternaria alternata* ja *Phoma* (Lemons *et al.*, 2017).

1.2.3 Loomad

Siseruumides leidub lisaks mikroobidele ka hulgaliselt loomi. Lüliljalgsed on loomarühmadest üks levinumaid ja liigirikkamaid hõimkondi (Budd & Telford, 2009), kuid hoonetes on nad soovimatud elanikud. Paljud nendest kahjustavad kodude puidust konstruktsioone, toiduaineid või riideid, näiteks termiidid ja koid. Mahukas Põhja-Ameerika kodudes läbiviidud uuringus leiti lüliljalgsete liike 28 klassist ning 600 perekonnast ning kõige sagedamini esinesid kodudes

liblikaliste (Lepidoptera), nokaliste (Hemiptera) ja kahetiivaliste (Diptera) seltsi liigid (Madden *et al.*, 2016). Hiljuti läbiviidud uuringus leiti samuti, et kõige sagedamini esinesid proovides lennuvõimelised putukad (Elbrecht *et al.*, 2021). Bertone jt (2016) leidsid kodudest keskmiselt 62 lüljalgsete liiki ning nendest suurema osa moodustasid kahetiivalised, ämblikulised (Araneae), mardikalised (Coleoptera), sipelglased (Formicidae), kiletiivalised (Hymenoptera) ja kõdutäilised (Psocoptera). Lisaks leidsid Madden jt (2016), et hoonetes on väga levinud sääsed (perekond *Aedes*), lehetäid (*Aphis*), tolmulestad (*Dermatophagoides*), tekstiilikahjurid (*Anthrenus*) ja toiduainete kahjurid (*Plodia*). Lestad tähistavad mitmesuguseid väikesi (0,5 mm) lüljalgseid, kes elavad inimese läheduses. Tolm sisaldab sageli lestade sugukonna Pyroglyphidae liike, näiteks *Dermatophagoides pteronyssinus*, *Dermatophagoides farinae* ja *Dermatophagoides evansi* (Cui, 2014). Tolmulestasid leidub kõige rohkem ehitusmaterjalidel, eriti kipsplaatidel, kus esineb hallitusseente kolooniaid. Tolmulestad on paljudes piirkondades peamised sissehingatavate allergeenide tootjad. Levinuimad allergiat tekitavad lestaliigid on Euroopa tolmulest (*D. pteronyssinus*) ja Ameerika tolmulest (*D. farinae*). Laialt levinud on ka liik *Euroglyphus maynei*. Enamik uuringuid on keskendunud lestade *D. pteronyssinus* ja *D. farinae* mõjule tervisele. Suuremas osas on Euroopa tolmulestade poolt toodetavaks allergeeniks proteaasid (hüdrolüüsivad valgud), mida leidub peamiselt fekaalides. Liigi *D. farinae* poolt toodetud allergeene on leitud siseruumide tolmust (Li, 2016). Umbes 10% kogu elanikkonnast ja 90% astmahaigetest on kodulestade suhtes allergilised (Cui, 2014). Tolmulestade väljaheidet ja hallitusseened on allergilise astma peamised põhjustajad (Naegele *et al.*, 2013). Mitmed uuringud on jõudnud järeldusele, et liigid *D. pteronyssinus* ja *D. farinae* ei esine koos, sest neid kahte lestaliiki mõjutab kliima ja geograafiline asukoht erinevalt (Kuehr *et al.*, 1994; Van Strien *et al.*, 2003). Üldiselt on tolmulestadele tähtis, et elupaigas oleks sobiv temperatuur, niiskustase ja toitainete kättesaadavus. Näiteks on toodud välja, et *D. pteronyssinus* hulk siseruumides suureneb, kui siseruumis on kõrge õhuniiskus (Kuehr *et al.*, 1994). Bertone jt (2016) tõid välja, et lestade arvukust mõjutavad lisaks siseruumides paiknevad vaipkatted ja puitpõrandad. Vaipkatted pakuvad tolmulestadele kaitset, termoisolatsiooni ja suuremat õhuniiskust. Lisaks püüab vaip kinni toiduosakesi, millest lestad saavad toituda (Colloff, 1998). Puitpõrandate vanus ja kvaliteet mõjutasid samuti lestade arvukust, kuna laudade vahed pakuvad tolmulestadele soodsat elupaika (Bertone *et al.*, 2016). Tolmulestasid leidub rohkesti ka voodites ja elutoa diivanitel (Colloff, 1998). Van Strien jt (2004) uuring näitas, et konditsioneeride puudumine, siseruumide madalam temperatuur ja hallitus on seotud *D. pteronyssinus* ja *D. farinae* kontsentratsioonide suurenemisega tolmus.

Lülijalgsete mitmekesisus on seotud inimeste tegevusega (McIntyre, 2000). Laialdast levikut siseruumides mõjutavad maja suurus, ümbritsev taimestik ja naabruskond. Kodudes võib lülijalgsete mitmekesisust lisaks kliimale mõjutada ka inimeste sotsiaalne staatus. Jõukamates peredes ei ole lülijalgsete levik nii suur kui vaesemates, sest kasutatakse palju putukatõrjevahendeid (Elbrecht *et al.*, 2021; Leong *et al.*, 2016; Madden *et al.*, 2016). Väliskeskkonnas elavate lülijalgsete mitmekesisust mõjutavad temperatuur ja sademed, aga Madden jt (2016) uuringust selgus, et siseruumides paiknevate lülijalgsete levikut see ei mõjutanud. Leiti, et maapiirkondade siseruumides on rohkem lülijalgseid kui linnas. Uuringus tuli välja, et lülijalgsete mitmekesisus on suurem kodudes, kus on kelder (Bertone *et al.*, 2016). Selle põhjuseks võib olla asjaolu, et kelder on koopa sarnane elupaik. See sisaldab ainulaadseid taksoneid, mida mujal siseruumides ei leidu. Paljud lülijalgsete liigid, nagu lutikad, ämblikud jt, on algselt pärit koobastest (Bertone *et al.*, 2016).

Tänapäeval on majades palju sarnaseid lülijalgsete rühmi. Näiteks siseruumide torustiku paigaldamisega on põrnikalaste Scarabaeidae levimus vähenenud, aga libliksääsklaste (Psychodidae) hulk hoopis kasvanud. Kui inimesed hakkasid rohkem reisima, muutusid ka lülijalgsete liigid. Näiteks hakkas ohtralt levima toakärbes (*Musca domestica*), prussakad ja äädikakärbsed. Inimeste mõju lülijalgsete mitmekesisusele on seega suur (Bertone *et al.*, 2016).

Siseruumides on loomade uurimine puudulik, kuna loomaliikide mitmekesisus on väga suur ning nende kindlakstegemine on kulukas. Teadlased on välja toonud, et paljusid lülijalgseid on võimalik määrata vaid perekonna tasemeni. See omakorda teeb edasised uuringud puudulikuks, kuna ei ole täielikku informatsiooni siseruumides esinevate loomade kohta (Bertone *et al.*, 2016). Samas viimasel ajal on hakanud rohkem ilmuma uuringuid ka sisekeskkonnas leiduvatest loomaliikidest, sest määramismeetodeid on juurde tulnud ja need on üsna lihtsasti teostatavad. Eelkõige on DNA-põhised uuringud saanud tänapäeval peamiseks meetodiks. Siiski on põhjalikke teadusuuringuid lülijalgsete mitmekesisuse kohta kodutolmus ja nende mõjust inimese tervisele veel vähe ilmunud.

1.3 Sisekeskkonna uurimismeetodid

Umbkaudu 1850. aastast hakati huvi tundma sisekeskkonna kohta; saadi aru, et siseruumide õhu kvaliteet mõjutab inimeste tervist. Alates 20. sajandi algusest süvenesid teadlased

sisekeskkonna uurimisse süvitsi (Sundell, 2004). Sel ajal hakkasid juba uuringud näitama, kuidas halb siseruumide kvaliteet võib põhjustada haigusi (Carnelley *et al.*, 1887; Huddleson & Hull, 1920). Arusaam, et mikroorganismid võivad olla üheks terviseprobleemide põhjustajaks, soodustas proovivõtu ja määramise meetodika arengut. Esmalt tekkis 1800ndate lõpus/ 1900ndate algul võimalus mikroorganisme söötmeplaadilt loendada mikroskoobi abil, millele järgnes 1950ndatel võimalus tuvastada proovist selektiivse söötme abil konkreetseid liike (Gilbert & Stephens, 2018). Toimusid põhjalikult uuringud, et paremini mõista siseruumide mikroorganismide esinemist ja mõju (Caplan, 1962; Reid *et al.*, 1956; Swaebly & Christensen, 1952).

Uute meetodite loomine viimase paari aastakümne jooksul on oluliselt mõjutanud arusaamist mikrobioloogiast ja ökoloogiast, andes infot varem tundmatute mikroorganismide mitmekesisuse kohta. Metatriipkoodi analüüs läbi DNA sekveneerimise on eelistatud meetod kogukonna taksonoomia hindamiseks (Gilbert & Stephens, 2018). Sekveneerimise teel määratakse DNA markerite nukleotiidsed järjestused, mida on võimalik määrata nende võrdlemisel DNA järjestusi sisaldava andmebaasi vastu (Singh *et al.*, 2012). DNA järjestused annavad meile olulist informatsiooni erinevate organismide kohta, mis on olulised teaduslikes uuringutes. Sekveneerimismeetodeid on kolme liiki: esimese, teise ja kolmanda põlvkonna sekveneerimismeetod. Esimese põlvkonna sekveneerimismeetodi ehk Sangeri tehnoloogia töötas välja Frederic Sanger 1977. aastal. See meetod võimaldab kindlaks määrata DNA primaarstruktuuri ehk nukleotiidsed järjestused (Sanger *et al.*, 1977). See on olnud märkimisväärseks läbimurdeks teaduses, kuna aitas kindlaks teha varem tuvastamata jäänud mikroorganisme ja nende mitmekesisust paremini mõista. Kuna see meetod oli kallis ja ajakulukas, siis töötati 2005. aasta paiku välja uue põlvkonna sekveneerimismeetodid. Võrreldes Sangeri meetodiga oli uus 454 tehnoloogia suurema läbilaskevõimega ja mitte nii kulukas (Reuter *et al.*, 2015). Suure läbilaskevõimega sekveneerimine (HTS) soodustas tugevasti mikrobiökoloogia ja putukaökoloogia arengut. Sagemini kasutatakse neist Illumina platvormi. Viimasel kümnendil on turule tulnud kolmanda põlvkonna sekveneerimismeetodid. Kolmanda põlvkonna sekveneerimine töötab ühe molekuli tasandil ja pakub pikemaid lugemisjärjestusi kui varasemad põlvkonnad. Kolmanda põlvkonna alla kuuluvad platvormid nagu Pacific Biosciences (PacBio) ja Oxford Nanopore (Tedersoo *et al.*, 2018).

Määramismetoodika kiire areng võimaldab meil tuvastada mikroobide mitmekesisust erinevates bioloogilistes niššides ehk määrata taksonoomilisi profiile, nende funktsionaalseid ja ökoloogilisi omadusi. Mahukad mikroorganismide koosluste analüüsid põhinevad teise ja kolmanda põlvkonna tehnoloogiatel (Nilsson *et al.*, 2019). Need molekulaarsed meetodid on usaldusväärsed mikroorganismide mitmekesisuse tuvastamiseks (Gangneux *et al.*, 2020). HTS meetodite mõju keskkonna proovide analüüsimisel on tohutult suur, kuna need aitavad tuvastada keskkonnast suuremas hulgas erinevaid organisme (Shokralla *et al.*, 2012). Tänu väljatöötatud tehnoloogiale pääseme ligi ka palju laiemale organismide genoomide valikule (Tringe & Rubin, 2005). See on andnud ka suure panuse kodanikuteadusele.

Kodanikuteadus, tuntud ka kui harrastusteadus, on inimeste panus teadusesse, mis enamasti põhineb vaatluste tegemisel, andmete kogumisel ja nende edastamisel teadlastele (Hand, 2010). Kodanikuteaduse projektid on muutunud populaarseks ning neid viiakse läbi paljudes teadussuunades (Aavik *et al.*, 2020; Adams *et al.*, 2015b; Amend *et al.*, 2010; Martin-Sanchez *et al.*, 2020). Näiteks 2019. aastal viidi Eestis läbi kodanikuteaduse kampaania „Eesti otsib nurmenukke“, kuhu kutsuti osalema inimesi, kes analüüsiks nurmenuku õisi. Nurmenukk on hea mudelliik, et uurida, millised piirkonnad on looduslikult terviklikud ning kus on olukord halvemaks muutunud. Omakorda annab see olulist infot looduskaitsele (Aavik *et al.*, 2020). Selle aasta kevadel levis Eesti põllumeeste seas uuring, kuhu kutsuti põllumehi matma puuvillaseid aluspükse 12 nädalaks mulla alla ning seejärel hindama pükste lagunemist. Selle aktsiooni eesmärk oli mõõta muldade tervist (<https://eagronom.com/et/mullapuksid/>). Rahvusvaheliselt on olnud palju kodanikuteaduse projekte siseruumide kohta, kus uuritakse tolmu, et iseloomustada sisekeskkonna tervist (Adams *et al.*, 2015b; Martin-Sanchez *et al.*, 2020; Prussin & Marr, 2015). Siseruumidest kogutakse tolmuproove kas vatipulga, kleplindi või kontaktplaatide meetodil. Vatipulga meetod näeb ette, et vatipulka hõõrutakse vastu pinda. Selline meetod on odav ja tõhus ning seda kasutatakse sagedasti massproovide võtmisel. Kleplindi meetodi käigus kleebitakse kleplint proovivõtu kohale (eeldusel, et pind on kuiv ja tasane). Söötmeplaatide puhul surutakse sööde otse pinna vastu, et võimaldada mikroorganismide adhesiooni ehk seostumist. Seejärel pannakse söötmele kaas peale, et ei toimiks saastumist, ja inkubeeritakse (Verdier *et al.*, 2014). Teadlased uurivad tolmuproovides sisalduvaid mikroorganisme mikroskoopia, külvamise, keemiliste ja DNA-põhiste analüüside abil (Martin-Sanchez *et al.*, 2020).

2. EKSPERIMENTAALOSA

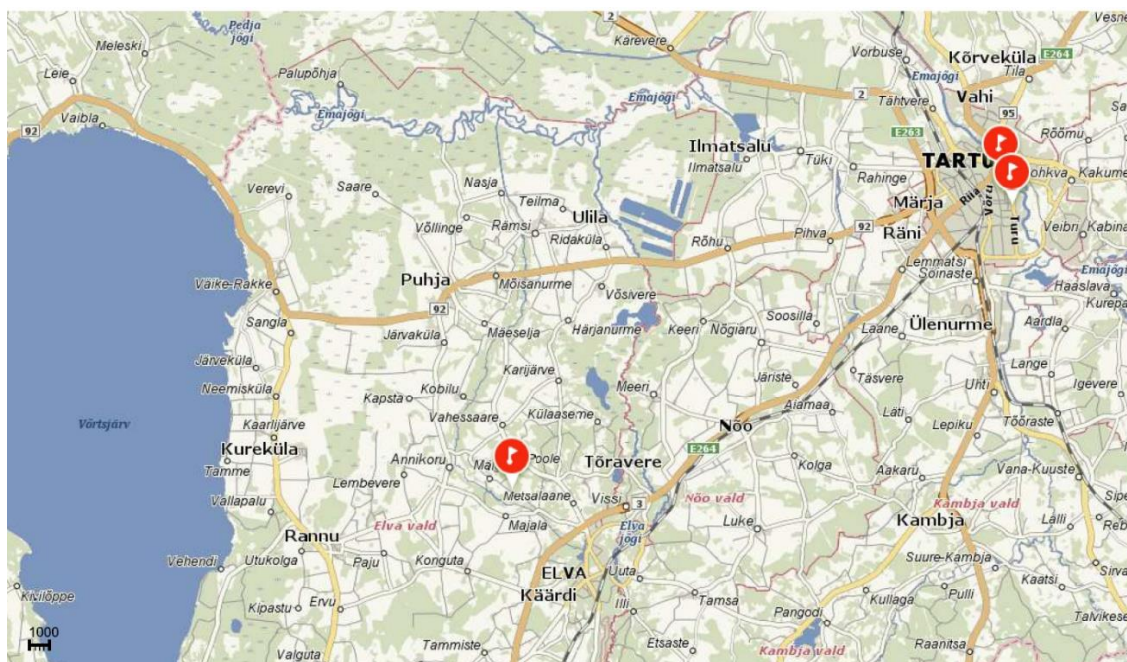
2.1 Töö eesmärgid

Käesolev töö on osa kodanikuteaduse projektist „FunHome“, mis uurib kodutolmus leiduvate mikroorganismide mitmekesisust ja levimust. Antud töö eesmärk on uurida kodutolmus olevate loomade (lüliljalgsed) mitmekesisust ja analüüsida nende muutusi proovivõtukohtades ja ajas.

2.2 Materjal ja metoodika

2.2.1 Valimi kirjeldamine

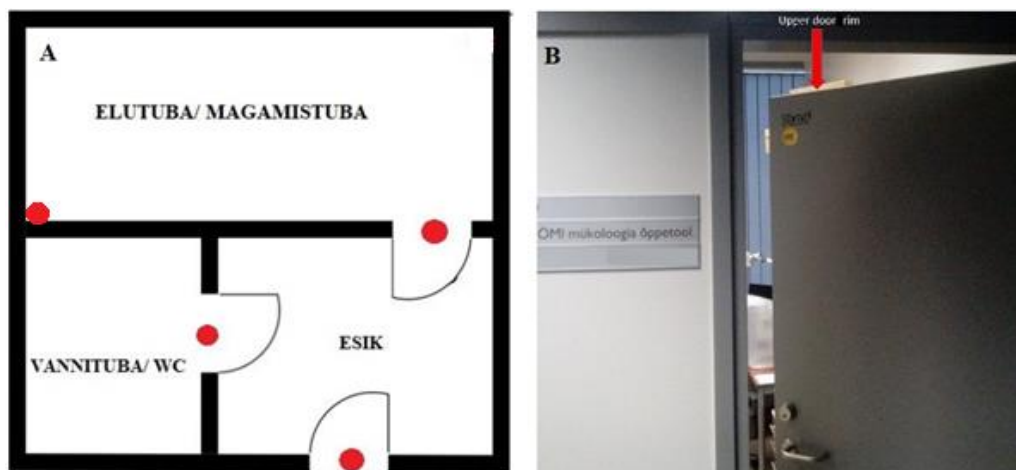
Vabatahtlike abil koguti tolmuproovid pooleteise aasta jooksul kolmest erinevast Lõuna-Eesti kodust. Proovide kogumiskohtadeks oli talu Mälgi külas, Elva vallas ja kaks korterit Tartu kesklinnas Turu tänava majades nr 7 ja 35 (Joonis 1). Igast kodust koguti proovid iga kuu 10. kuupäeval. Käesolevas bakalaureusetöös on kasutatud andmeid järgmistest kogumisperioodest: 10. oktoobrist 2018 – 10. detsembrini 2019 Mälgi küla talu puhul, 10. oktoobrist 2019 – 10. detsembrini 2019 Turu 7 puhul ja 10. oktoobrist 2018 – 10. jaanuarini 2019 Turu 35 puhul. Kokku kasutati 88 tolmuproovi andmeid.



Joonis 1. Proovivõtukohtade asukohad kaardil. Proovid korjati kolmest punktist: Turu tänavalt majadest 7 ja 35 ning Mälgi külast Elva vallast.

Igal kogumiskorral koguti proovid steriilsete vatipulkadega neljast kohast: välisukse ülemiselt äärelt, elutoa/magamistoa ukse ülemiselt äärelt ja vannitoa/WC ukse ülemiselt äärelt ning elutoa/magamistoa põranda nurgast (Joonis 2). Proovivõtukohtad valiti lähtuvalt sellest, et oleks

esindatud võimalikult erinevad mikroorganismid ning ühtlasi, et need piirkonnad ei oleks igapäevaselt häiritud.



Joonis 2. Kogutud tolmuproovide proovivõtukohtad kodudes (A) ja täpsemalt ustelt kogutud proovide proovivõtukoht (B, foto: <https://sisu.ut.ee/funhome>). **A.** Neli proovivõtukohta: välisukse, elutoa/magamistoa ukse ja vannitoa/WC ukse ning elutoa/magamistoa põranda nurk on tähistatud punaste täppidega. **B.** Ustelt kogutud proovivõtukoht on viidatud punase noolega.

2.2.2 Molekulaarsed meetodid

Igast vatipulgast lõigati steriilse skalpelliga 1 cm tükk kolme erinevasse lüüsihuvrisse, et selgitada välja parim viis DNA eralduseks. Lüüsihuvriteks olid 1) Phire Direct PCR Dilution Buffer (Thermo Scientific Inc., USA), 2) Phire Direct PCR Dilution Buffer, kuhu lisati 1,25 µl ensüümi proteinaas K (20 mg/ml, Fermentas, Leedu) ja 3) lüüsihuvver, mis sisaldas 50 µl lüüsilahust koostisega 0,8 M Tris-HCl, 0,2 M (NH₄)₂SO₄, 0,2% w/v Tween-20 (10X Reaction Buffer B, Solis BioDyne, Eesti), kuhu lisati 1,25 µl ensüümi proteinaas K (20 mg/ml, Fermentas, Leedu). Seejärel tehti proovidele paari sekundine tsentrifuugimine, et vatitükk oleks tervenisti lahuses. Phire Direct PCR Dilution Buffer proove inkubeeriti 3 h 35 °C juures ning seejärel pipeteeriti lahus uude tuubi. Teiste lüüsihuvrite puhul inkubeeriti proove 3 h 56 °C juures, misjärel inkubeeriti proove 15 minutiks 98 °C juures, et proteinaas K inaktiveeruks, ja seejärel pipeteeriti lahus uude tuubi. DNA eraldamiseks prooviti ka Qiagen MagAttract PowerSoil DNA KF Kit komplekti vastavalt tootja protokollile. DNA eraldusele järgnes DNA polümeraasi ahelreaktsioon (PCR), mille käigus amplifitseeriti mitokondriaalse DNA COI lõik, kasutades pärisuunalise praimerina mlCOIintF ja vastassuunalise praimerina jgHCO2198 (Leray *et al.*, 2013). Ainult pärisuunaline praimer oli täiendatud 12 aluspaarilise määramisligandiga, mis erinesid üksteisest vähemalt kolme aluspaari poolest (Lisa 1).

PCR reaktsioon (25µl) sisaldas 18µl deioniseeritud vett, 5 µl PCR segu (FirePol Mastermix, Solis BioDyne, Eesti), 0,5µl mõlemat praimerit ja 1µl DNA-d. PCR reaktsiooni viidi läbi kahes korduses. PCR programm koosnes järgmistest etappidest: denaturatsioon 15 min 95°C juures, järgnes 38 tsüklit 30 sek 95°C juures, 35 sek 50°C juures ja 1 min 72°C juures ning viimasena ekstensioonietapp 10 min 72 °C juures. PCR-i produktide olemasolu kontrolliti geelelektroforeesil 1%-lisel agarosgeelil, kuhu oli lisatud 1 µl etiidiumbromiid. Elektroforees toimus pingel 100V 30 minutit. Proovides sisalduva DNA visualiseerimiseks kasutati 280nm ultravioletvalgust. PCR produktide puudumise korral tehti kordus-PCR, suurendades tsüklite arvu kahe või nelja tsükli võrra. PCR-i produktide kontrollimise käigus selgus, et kõige paremini õnnestus DNA eraldus Phire Dilution Buffer lahjenduspuhvriga ning ainult nende proovide PCR-i produkte kasutati edasistes analüüsid. Vastavalt PCR produkti tugevusele geelipildil pipeteeriti igat produkti 1-10 µl. Kokku pipeteeritud PCR produktid (raamatukogud) puhastati *FavorPrep GEL/PCR Purification Kit* (FavorPrep, Viin, Austria) abil vastavalt tootja juhistele ning seejärel mõõdeti raamatukogu DNA kontsentratsiooni *Qubit 2.0* fluoromeetri abil (Invitrogen, Life Technologies, Carlsbad, California, USA). DNA sekveneerimine teostati Inglismaal firmas Novogene, kasutades Illumina *NovaSeq* tehnoloogiat.

2.2.3 Andmeanalüüs

Sekveneerimisandmete bioinformaatilise analüüsi teostas mükoloogia õppetooli fauna metagenoomika teadur Sten Anslan. Bioinformaatiline analüüs viidi läbi platvormil PipeCraft 1.0 (Anslan *et al.*, 2017). Kvaliteedikontrolli läbinud järjestused rühmitati 97% sarnasuse alusel taksonoomiliseks ühikuks (ingl *operational taxonomic unit*; OTU) ning iga OTU esinduslikule sekvensile leiti sarnane järjestus rahvusvahelisest andmebaasist GenBank.

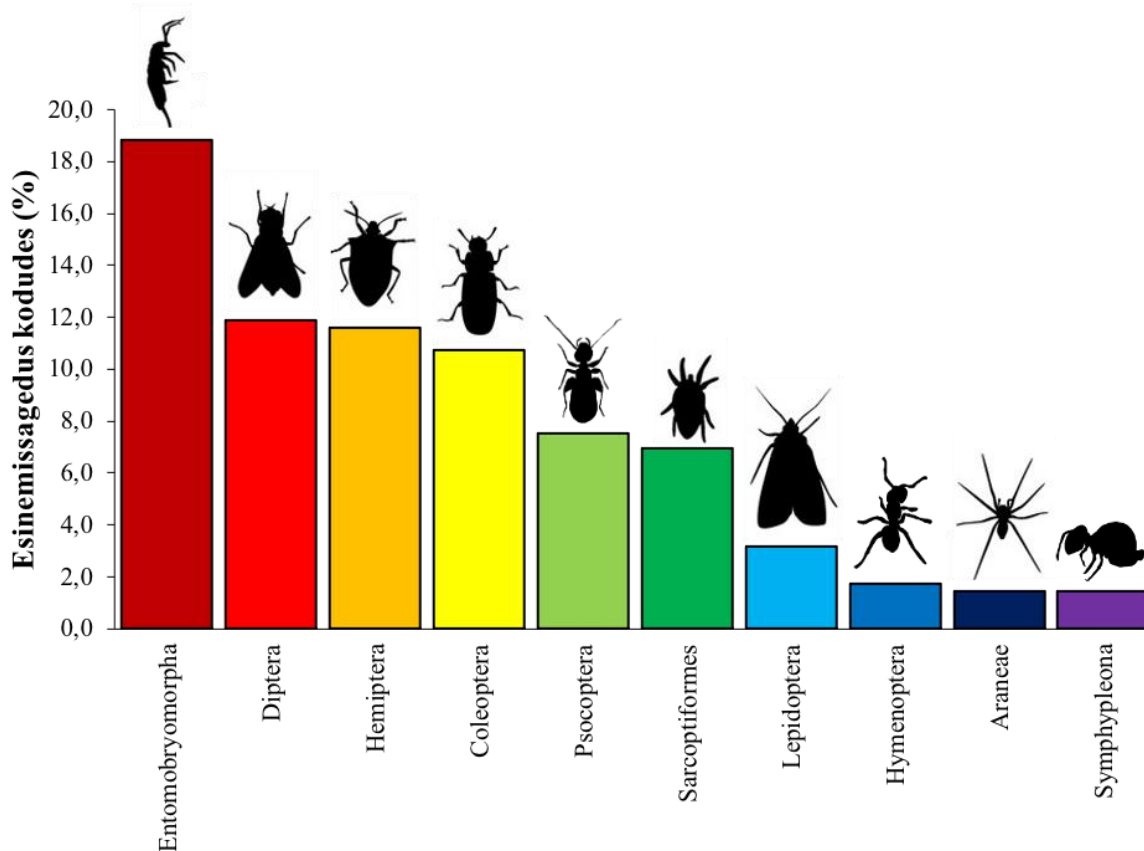
Venni diagrammi koostamiseks kasutati veebipõhist programmi Venny 2.1 (Oliveros 2016; <http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/>). Liigirikkuste võrdlemiseks normaliseeriti liikide arvud kodu lõikes, et tulemused oleks omavahel võrreldavad. Normaliseerimiseks kasutati järgmist valemit:

$$z_i = \frac{x_i - \min(x)}{\max(x) - \min(x)}$$

Liigirikkuste ja kogumisaja vahelise seose kontrollimiseks viidi läbi lineaarne regressioon analüüs tarkvarapaketi R Studio versioon 1.2.5001 (RStudio Team_2019).

2.3 Tulemused ja arutelu

Selles bakalaureusetöös uuritud kolmest erinevast Lõuna-Eesti kodust kogutud tolmuproovidest leiti kokku 187 OTU-t, mis kuulusid loomariiki (Metazoa). Peamiselt olid proovides esindatud lüljalgsed (Arthropoda; 169 OTU-t), mõned rõngussid (Annelida; 8 OTU-t) ja ümarussid (Nematoda; 7 OTU-t) ning üksikud keriloomad (Rotifera; 2 OTU-t) ja naastloomad (Placozoa; 1 OTU). Lüljalgsete hõimkonnast olid tolmuproovides esindatud viis klassi, millest kõige liigirikkamad ning sagedasemad olid putukate (Insecta; 114 OTU-t), hooghännaliste (Collembola; 13 OTU-t) ja ämblikulaadsete (Arachnida; 13 OTU-t) klassid. Putukate klassist olid proovides kõige sagedamini esindatud kuus seltsi: kahetiivalised (Diptera; esinemissagedus 11,9%), nokalised (Hemiptera; 11,6%), mardikalised (Coleoptera; 10,7%), kõdutäilised (Psocoptera; 7,5%), liblikalised (Lepidoptera; 3,2%) ja kiletiivalised (Hymenoptera; 1,7%) (Joonis 3). Hooghännalistest olid kõige sagedasemad Entomobryomorpha (18,8%) ja Symphypleona (1,4%) seltsid ning ämblikulaadsetest närilestalised (Sarcoptiformes; 7,0%) ja ämblikulaadsetest (Araneae; 1,4%) (Joonis 3).



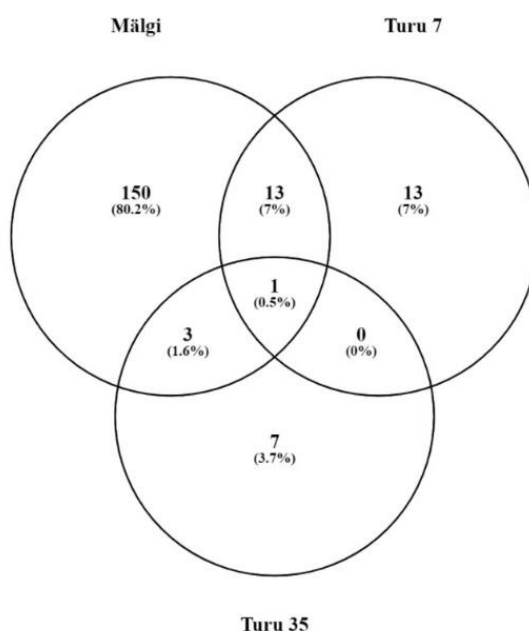
Joonis 3. Kümme kõige sagedamini esinevat lüljalgsete hõimkonda kuuluvat seltsi kodutolmu proovides (illustreerivad kujutised Madden *et al.*, 2016), v.a Psocoptera ja Symphypleona, mis on joonistatud käesoleva bakalaureusetöö jaoks).

Lülijalgsete hõimkonna madalamate taksonoomiliste leidude puhul selgus, et 88 tolmuproovis oli esindatud kokku 57 sugukonda, 92 perekonda ja 96 liiki. Mitmetel taksonoomilistel tasemetel leidis tundmatuid taksoneid, kuid ühtekokku jäi liigitasemeni määramata 70 lülijalgsete liiki. Viis kõige sagedasemat liiki olid *Willowsia nigromaculata* (Entomobryomorpha), *Dorypteryx domestica* (Psocoptera), *Dermatophagoides farinae* (Sarcoptiformes) ning üks määramatu lülijalgne ja *Willowsia* perekonna liik. kahetiivalistest esines proovides sagedasti limukakärbse (*Pollenia rudis*) lähedane liik *P. pediculata*, nokaliste hulgast taimekahjur *Therioaphis trifolii*, samuti ka mardikaliste seltsist taimekahjur *Longitarsus succineus*, liblikaliste hulgast pesaleedik (*Aphomia sociella*). Ämblikulaadsete seltside puhul esinesid üksikud ämblikuliste liigid, kuid närilestalistest olid väga sageli esindatud üks tolmulesta liik (*Dermatophagoides farinae*). Üllatuslikult leiti n-ö Euroopa kodutolmulesta liiki (*D. pteronyssinus*) vaid ühel korral (Lisa 2).

Tolmuproovides leidis teisigi huvitavaid inimkaaslejaid ehk sünantroopseid loomi. Näiteks esines nii Turu 7 kui ka Mälgi küla proovides äädikakärbes (*Drosophila melanogaster*), küll ainult kolmel korral (novembris ja detsembris). Kaks liiki sipelglaste (Formicidae) sugukonnast leiti Mälgi küla proovides, mis on ka loomulik, kuna sipelgad on siseruumides pigem iseloomulikud esinema just maapiirkondades. Sipelglased asuvad majja elama, kui on jäetud laokile toiduosakesi. Toiduosakeste eemaldamise ja kodu koristamisega (riiulite korrapärane puhastus, toiduainete sorteerimine ja nende säilitamine kinnistes anumates) kaovad lülijalgsete eluks vajalikud tingimused ning nad kas surevad või leiavad uue sobiva elupaiga.

Antud bakalaureusetöös kõige sagedamini leitud lülijalgsete leiud on üldjoontes kooskõlas teiste varasemate töödega (Bertone *et al.*, 2016; Madden *et al.*, 2016; Elbrecht *et al.*, 2021). Eelkõige on siseruumides esindatud lennuvõimelised putukad nagu nokalised, kahetiivalised mardikalised, liblikalised ja kiletiivalised. Huvitaval kombel on antud bakalaureusetöös väga sageli esindatud hooghännaliste selts Entomobryomorpha ja putukate selts kõdutäilised (Psocoptera). Näiteks leidsid Madden jt (2016) mahukas Põhja-Ameerika kodutolmu uuringus nimetatud seltse kordades vähem. Samas Bertone jt (2016) leidsid ühes Ameerika osariigis läbiviidud uuringus kõdutäilisi 98% uuritud kodudest ning arvatavasti võis see olla tingitud, kas Põhja-Carolina niiskest kliimast või proovide kogumismeetodist.

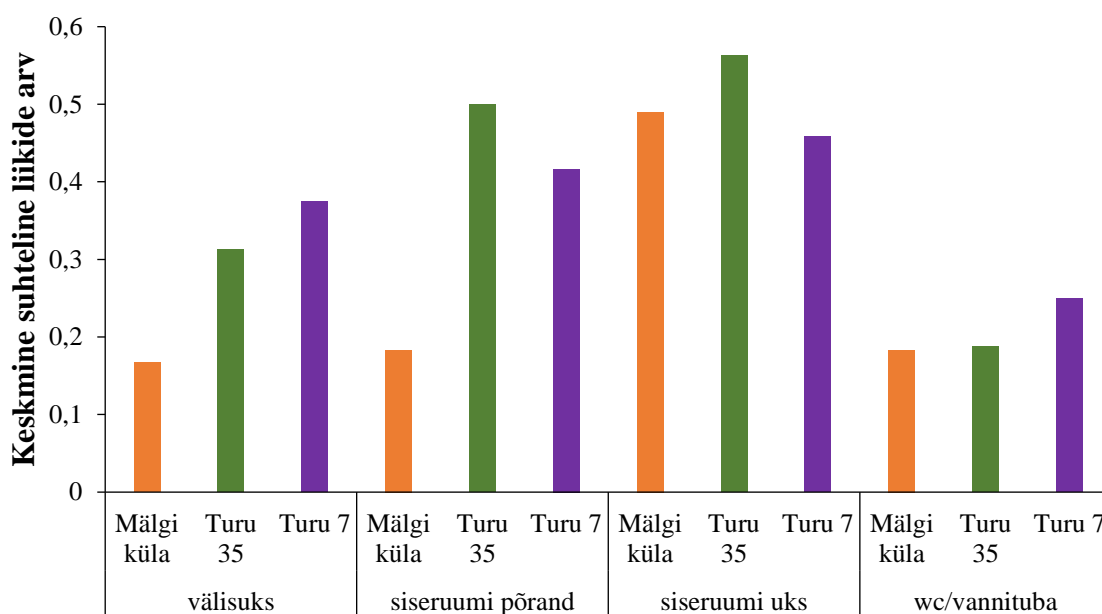
Kui vaadata tolmuproovides leitud loomade liigilisi kooslusi kodude ning proovivõtukohtade lõikes, siis on näha, et kattuvaid liike on vähe (Joonis 4, Lisa 3). Kõigis kolmes kodus leiti vaid üks hooghännalise liik *W. nigromaculata*. Kahe kodu vahelises võrdluses leiti, et kõige rohkem samu liike (14) jagasid Mälgi küla ja Turu 7 kodud ning Mälgi küla ja Turu 35 võrdluses leiti 4 sama liiki ja üllataval kombel ei jaganud Tartu kesklinna korterid ühtegi kodutolmus leiduvat loomaliiki, v.a üks igas kodus leitud hooghännalise liik. Nimetatud hooghännaline esines siseruumides kuude lõikes väga juhuslikult ning eelkõige Mälgi küla proovide puhul tuleb välja, et ta esines kõigis proovivõtukohtades, nii välisuksel, siseruumi ukssel ja põrandal kui ka wc/vannitoa ukssel. Hooghännaline *W. nigromaculata* on põhja poolkeral üks kõige sagedasemaid ja laialdasemalt levinud liike ning teda võib leida kodudes, keldrites ja kasvuhoonetes (Cipola & Katz, 2021). Lisaks võib siseruumides leida mitmeid teisigi perekonna *Willowsia* liike. Näiteks leiti antud töös kokku neli perekonna *Willowsia* liiki.



Joonis 4. Venni diagramm näitab jagatud ja unikaalsete looma OTU-de arvu uuritud kodude kohta.

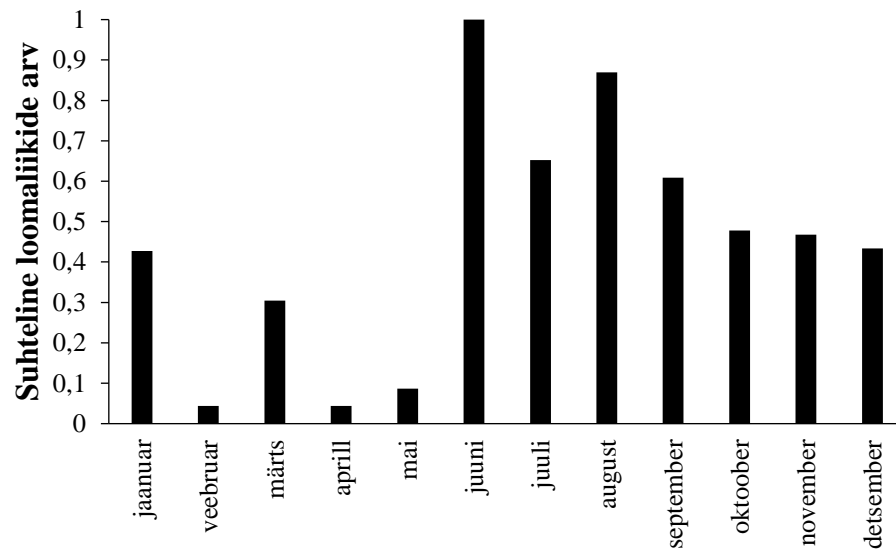
Kõige rohkem liike (167 OTU-t) leiti Mälgi küla talust ning kordades vähem kahe korteri tolmuproovidest. Turu 7 leiti 27 OTU-t ja Turu 35 11 OTU-t. Suuresti on liigirikkused antud juhul tingitud proovide kogumisperiodide erinevusest, kuid ilmselt võib seda mõjutada ka kodude asukoht. Madden jt (2016) kodutolmu uuringus tuli välja, et maapiirkonnas oli lüljalgsete mitmekesisus keskmiselt lausa 50% suurem kui linnas. Kodude piires proovivõtukohtade puhul ilmnes, et wc/ vannitoa ja välisukselt võetud proovides oli lüljalgsete mitmekesisus kõige madalam ning kõige rohkem liike leiti siseruumide ustelt (Joonis 5).

Välisukse proovide puhul võib põhjuseks olla tihedam kokkupuude väliskeskkonnaga, mis mõjutab DNA lagunemist. Vannitoa puhul on ka Bertone jt (2016) leidnud, et seal esineb vähem lüljalgseid kui teistes tubades. Täpseid põhjuseid ei osatud öelda, kuid see võib olla seotud niiskusega või ka toiduallika nappusega, mis paljudele lüljalgsetele ei ole sobivaks elukeskkonnaks. Pigem on vannitubades ohtramalt ning liigirikkamalt bakterid ja seeni. Lüljalgsete mitmekesisus oli suurim elutoa/ magamistoa ükselt võetud proovides. Lisaks on ka eelnevalt välja tulnud, et nendes tubades esinebki kõige rohkem lüljalgseid (Bertone *et al.*, 2016; Colloff, 1998; Leong *et al.*, 2016).



Joonis 5. Loomaliikide keskmine suhteline arv erinevate proovivõtukohtade kohta igas kontrollitud kodus. Liikide arv on normaliseeritud iga kodu piires vastavalt andmeanalüüsi osas esitatud valemile.

Aastaringelt oli lüljalgsete mitmekesisus suurim juunist kuni septembrini ning septembrist alates hakkas proovides loomaliikide arv langema (Joonis 6). Samas statistiline analüüs seda ei kinnitanud (Lisa 4). Seega võib mingil määral ikkagi lüljalgsete mitmekesisus ja hulk väliskeskkonna tingimustest – temperatuur, niiskus, mis talvisel perioodil on ebasoodsam, nende arengule mõjuda. Kuigi arvestades, et tegemist on inimkaaslejatega, siis pole kuude lõikes liikide arv mõjutatud. Seda on näidanud ka Madden jt (2016) uuring, mille käigus selgus, et välistingimused ei mõjuta siseruumide lüljalgsete mitmekesisust.



Joonis 6. Suhteline loomaliikide arv kuude lõikes. Liikide arv on normaliseeritud iga kodu piires vastavalt andmeanalüüsi osas esitatud valemile.

KOKKUVÕTE

Siseruumides leiduvate loomaliikide mitmekesisust ning neid mõjutavaid tegureid on vähe uuritud ja seetõttu oli käesoleva bakalaureusetöö eesmärgiks oli uurida kodutolmus leiduvate loomade (lüljalgsete) liigilist koosseisu ja analüüsida nende muutusi proovivõtukohtades ja ajas. Tolmuproovide kogumisel kasutati harrastusteadlaste abi, kes kogusid igakuiselt oma kodudest kokkulepitud ajal ning kohtadest steriilsete vatipulkadega proove. Kogutud tolmuproovidest DNA eraldamisel osutus kõige efektiivsemaks meetodiks Phire Dilution Buffer lahjenduspuhvriga eraldamine ning proovide mass-sekveneerimise abiga õnnestus tolmuproovidest leida 187 loomariiki (Metazoa) kuuluvat liiki. Esindatud olid lüljalgsed (169 OTU-t), rõngussid (8 OTU-t), ümarussid (7 OTU-t), keriloomad (2 OTU-t) ja naastloomad (1 OTU). Lüljalgsete rühmast olid kõige liigirikkamad putukate, hooghännaliste ja ämblikulaadsete klassid ning kõige sagedamini esinesid kodutolmus lüljalgsete liigid *Dermatophagoides farinae*, *Willowsia nigromaculata* ja *Dorypteryx domestica*, mis on kooskõlas ka seni avaldatud uuringutega. Hooghännaline *Willowsia nigromaculata* esines ainsana kõigis kodudes ning kõige intensiivsemalt uuritud kodu (Mälgi küla) puhul selgus, et nimetatud liiki esines ka kõigis proovivõtupunktides. Ühtlasi leidis Mälgi küla talus ka kõige rohkem loomaliike. Antud töös selgus, et eelnevad uuringud kodutolmus leiduvatest loomadest on kooskõlas uuringuga. Tulemustest võib järeldada, et maapiirkonnas on lüljalgsete levimus suurem kui linna siseruumides ning talve- ja kevadperioodil on lüljalgsete arvukus väiksem kui suvi- sügisperioodil. Aga et seda kindlalt väita on vaja rohkematest kodudest kogutud andmeid, mis ühtlasi kestaks pikemat aega.

The diversity of microorganisms in house dust and factors its affecting

Lisann Adamson

Summary

The diversity of animals in house dust and factors its affecting has been poorly studied and therefore this bachelor's thesis aimed to study the diversity of animals (arthropods) in house dust and to analyze their changes in sampling sites and time. Dust samples were collected with the help of citizen scientists, who collected samples from their homes at agreed times and locations with sterile cotton swabs monthly. Phire Dilution Buffer was the most efficient method for isolating DNA from the collected dust samples, and 187 animal species (Metazoa) could be found from the dust samples with the help of high-throughput sequencing. Of these animals, arthropods (169 OTUs), annelids (8 OTUs), nematodes (7 OTUs), rotifers (2 OTUs), and placozoans (1 OTUs) were represented. Among the arthropods, the most species rich and frequent were insect, springtail, and arachnid orders, and the most common species of domestic dust were the arthropod species *Dermatophagoides farinae*, *Willowsia nigromaculata*, and *Dorypteryx domestica*, which is also consistent with published studies to date. Springtail (*Willowsia nigromaculata*) was the only species present in all homes, and in the most intensively studied home (Mälgi village) it was found to be present in all sampling points. In addition, the farm in Mälgi village had also the highest number of animal species. In this study, it was found that previous studies on animals in house dust are in line with the study. The results suggest that the prevalence of arthropods in rural areas is higher than in urban areas and that the number of arthropods is lower in winter and spring than in summer and autumn. But to be sure, more data on sampling points and long-term observations are needed.

TÄNUSÕNAD

Sooviksin tänada oma juhendajat Jane Oja, kes abistas tulemuste analüüsimisel ning antud bakalaureusetöö koostamisel. Samuti soovin tänada Leho Tedersood, kes vastas tekkinud küsimustele ning vajadusel andis nõu.

KASUTATUD KIRJANDUS

Aavik, T., Carmona, C. P., Träger, S., ... Pärtel, M. (2020). Landscape context and plant population size affect morph frequencies in heterostylous *Primula veris*—Results of a nationwide citizen-science campaign. *Journal of Ecology*, *108*(6), 2169–2183.

Adams, R. I., Bhangar, S., Dannemiller, K. C., ... Bibby, K. (2016). Ten questions concerning the microbiomes of buildings. *Building and Environment*, *109*, 224–234.

Adams, R. I., Bhangar, S., Pasut, W., Arens, E. A., Taylor, J. W., Lindow, S. E., Nazaroff, W. W., & Bruns, T. D. (2015a). Chamber bioaerosol study: Outdoor air and human occupants as sources of indoor airborne microbes. *PloS one*, *10*(5), e0128022.

Adams, R. I., Bik, H. M., & Meadow, J. F. (2015b). Microbiota of the indoor environment: A meta-analysis. *Microbiome*, *3*(1), 1–18.

Adams, R. I., Miletto, M., Taylor, J. W., & Bruns, T. D. (2013). Dispersal in microbes: Fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances. *The ISME journal*, *7*(7), 1262–1273.

Amend, A. S., Seifert, K. A., Samson, R., & Bruns, T. D. (2010). Indoor fungal composition is geographically patterned and more diverse in temperate zones than in the tropics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *107*(31), 13748–13753.

Andersen, B., Frisvad, J. C., Søndergaard, I., Rasmussen, I. S., & Larsen, L. S. (2011). Associations between fungal species and water-damaged building materials. *Applied and environmental microbiology*, *77*(12), 4180–4188.

Anslan, S., Bahram, M., Hiiesalu, I., & Tedersoo, L. (2017). PipeCraft: Flexible open-source toolkit for bioinformatics analysis of custom high-throughput amplicon sequencing data. *Molecular ecology resources*, *17*(6), e234–e240.

Barberán, A., Dunn, R. R., Reich, B. J., ... Fierer, N. (2015). The ecology of microscopic life in household dust. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, *282*(1814), 20151139.

Bech-Andersen, J. (2004). *Indoor climate and moulds*. Hussvamp Laboratoriet Publishers.

Bertone, M. A., Leong, M., Bayless, K. M., Malow, T. L., Dunn, R. R., & Trautwein, M. D. (2016). Arthropods of the great indoors: Characterizing diversity inside urban and suburban homes. *PeerJ*, *4*, e1582.

- Bragoszewska, E., Mainka, A., & Pastuszka, J. S. (2017). Concentration and size distribution of culturable bacteria in ambient air during spring and winter in Gliwice: A typical urban area. *Atmosphere*, 8(12), 239.
- Budd, G. E., & Telford, M. J. (2009). The origin and evolution of arthropods. *Nature*, 457(7231), 812–817.
- Caplan, H. (1962). Observations on the role of hospital blankets as reservoirs of infection. *Epidemiology & Infection*, 60(3), 401–410.
- Carnelley, T., Haldane, J. S., & Anderson, A. (1887). IV. The carbonic acid, organic matter, and micro-organisms air, more especially of dwellings and schools. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London.(B.)*, 178, 61–111.
- Casas, L., Tischer, C., Wouters, I., ... Sunyer, H. J. (2013). Endotoxin, extracellular polysaccharides, and β (1-3)-glucan concentrations in dust and their determinants in four European birth cohorts: Results from the HITEA project. *Indoor air*, 23(3), 208–218.
- Cipola, N. G., & Katz, A. D. (2021). Morphological and molecular analysis of *Willowsia nigromaculata* (Collembola, Entomobryidae, Entomobryinae) reveals a new cryptic species from the United States. *European Journal of Taxonomy*, 739, 92–116.
- Colloff, M. (1998). Distribution and abundance of dust mites within homes. *Allergy*, 53, 24–27.
- Cui, Y. (2014). When mites attack: Domestic mites are not just allergens. *Parasites & vectors*, 7(1), 1–7.
- Dannemiller, K. C. (2019). Moving towards a robust definition for a “healthy” indoor microbiome. *Msystems*, 4(3), e00074-19.
- Dharmage, S., Bailey, M., Raven, J., ... Walters, E. H. (2002). Mouldy houses influence symptoms of asthma among atopic individuals. *Clinical & Experimental Allergy*, 32(5), 714–720.
- Elbrecht, V., Lindner, A., Manerus, L., & Steinke, D. (2021). A bright idea—Metabarcoding arthropods from light fixtures. *PeerJ*, 9, e11841.
- Gangneux, J.-P., Sassi, M., Lemire, P., & Le Cann, P. (2020). Metagenomic Characterization of Indoor Dust Bacterial and Fungal Microbiota in Homes of Asthma and Non-asthma Patients Using Next Generation Sequencing. *Frontiers in Microbiology*, 11, 1671.

- Gilbert, J. A., & Stephens, B. (2018). Microbiology of the built environment. *Nature Reviews Microbiology*, *16*(11), 661–670.
- Gupta, M., Lee, S., Bisesi, M., & Lee, J. (2019). Indoor microbiome and antibiotic resistance on floor surfaces: An exploratory study in three different building types. *International journal of environmental research and public health*, *16*(21), 4160.
- Hand, E. (2010). Citizen science: People power. *Nature News*, *466*(7307), 685–687.
- Heseltine, E., & Rosen, J. (2009). *WHO guidelines for indoor air quality: Dampness and mould*.
- Horner-Devine, M. C., Carney, K. M., & Bohannon, B. J. (2004). An ecological perspective on bacterial biodiversity. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, *271*(1535), 113–122.
- Huddleson, I. F., & Hull, T. G. (1920). Bacteria of the Air in an Amusement Hall. *American Journal of Public Health*, *10*(7), 583–585.
- Hyde, K. D., Al-Hatmi, A. M., Andersen, B., ... Tsui, C. K. M. (2018). The world's ten most feared fungi. *Fungal Diversity*, *93*(1), 161–194.
- Karakainen, P., Rintala, H., Vepsäläinen, A., Hyvärinen, A., Nevalainen, A., & Meklin, T. (2009). Microbial content of house dust samples determined with qPCR. *Science of the Total Environment*, *407*(16), 4673–4680.
- Kembel, S. W., Jones, E., Kline, J., Northcutt, D., Stenson, J., Womack, A. M., Bohannon, B. J., Brown, G., & Green, J. L. (2012). Architectural design influences the diversity and structure of the built environment microbiome. *The ISME journal*, *6*(8), 1469–1479.
- Kuehr, J., Frischer, T., Karmaus, W., Meinert, R., Barth, R., Schraub, S., Daschner, A., Urbanek, R., & Forster, J. (1994). Natural variation in mite antigen density in house dust and relationship to residential factors. *Clinical & Experimental Allergy*, *24*(3), 229–237.
- Lemons, A. R., Hogan, M. B., Gault, R. A., ... Green, B. J. (2017). Microbial rRNA sequencing analysis of evaporative cooler indoor environments located in the Great Basin Desert region of the United States. *Environmental Science: Processes & Impacts*, *19*(2), 101–110.
- Leong, M., Bertone, M. A., Bayless, K. M., Dunn, R. R., & Trautwein, M. D. (2016). Exoskeletons and economics: Indoor arthropod diversity increases in affluent neighbourhoods. *Biology letters*, *12*(8), 20160322.

- Leray, M., Yang, J. Y., Meyer, C. P., Mills, S. C., Agudelo, N., Ranwez, V., Boehm, J. T., & Machida, R. J. (2013). A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: Application for characterizing coral reef fish gut contents. *Frontiers in zoology*, *10*(1), 1–14.
- Li, D.-W. (2016). *Biology of microfungi* (Kd 146). Springer.
- Loeffert, S. T., Melloul, E., Gustin, M.-P., ... Vanhems, P. (2019). Investigation of the relationships between clinical and environmental isolates of *Aspergillus fumigatus* by multiple-locus variable number tandem repeat analysis during major demolition work in a French hospital. *Clinical Infectious Diseases*, *68*(2), 321–329.
- Madden, A. A., Barberán, A., Bertone, M. A., Menninger, H. L., Dunn, R. R., & Fierer, N. (2016). The diversity of arthropods in homes across the United States as determined by environmental DNA analyses. *Molecular ecology*, *25*(24), 6214–6224.
- Martin, L. J., Adams, R. I., Bateman, A., ... Dunn, R. R. (2015). Evolution of the indoor biome. *Trends in Ecology & Evolution*, *30*(4), 223–232.
- Martin-Sanchez, P. M., Estensmo, E.-L. F., Morgado, L. N., Maurice, S., Engh, I. B., Skrede, I., & Kauserud, H. (2020). *Analyzing indoor mycobiomes through a large-scale citizen science study of houses from Norway*.
- McIntyre, N. E. (2000). Ecology of urban arthropods: A review and a call to action. *Annals of the Entomological Society of America*, *93*(4), 825–835.
- Meadow, J. F., Altrichter, A. E., Kembel, S. W., ... Bohannan, B. J. M. (2014). Indoor airborne bacterial communities are influenced by ventilation, occupancy, and outdoor air source. *Indoor air*, *24*(1), 41–48.
- Melymuk, L., Demirtepe, H., & Jílková, S. R. (2020). Indoor dust and associated chemical exposures. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, *15*, 1–6.
- Naegele, A., Reboux, G., Scherer, E., Roussel, S., & Millon, L. (2013). Fungal food choices of *Dermatophagoides farinae* affect indoor fungi selection and dispersal. *International journal of environmental health research*, *23*(2), 91–95.
- Nevalainen, A., Täubel, M., & Hyvärinen, A. (2015). Indoor fungi: Companions and contaminants. *Indoor air*, *25*(2), 125–156.

- Niculita-Hirzel, H., Yang, S., Hager Jörin, C., Perret, V., Licina, D., & Goyette Pernot, J. (2020). Fungal Contaminants in Energy Efficient Dwellings: Impact of Ventilation Type and Level of Urbanization. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, *17*(14), 4936.
- Nilsson, R. H., Anslan, S., Bahram, M., Wurzbacher, C., Baldrian, P., & Tedersoo, L. (2019). Mycobiome diversity: High-throughput sequencing and identification of fungi. *Nature Reviews Microbiology*, *17*(2), 95–109.
- Pasanen, A.-L., Kasanen, J.-P., Rautiala, S., Ikäheimo, M., Rantamäki, J., Kääriäinen, H., & Kalliokoski, P. (2000). Fungal growth and survival in building materials under fluctuating moisture and temperature conditions. *International Biodeterioration & Biodegradation*, *46*(2), 117–127.
- Peay, K. G., Kennedy, P. G., & Talbot, J. M. (2016). Dimensions of biodiversity in the Earth mycobiome. *Nature Reviews Microbiology*, *14*(7), 434–447.
- Pitkäranta, M., Meklin, T., Hyvärinen, A., Paulin, L., Auvinen, P., Nevalainen, A., & Rintala, H. (2008). Analysis of fungal flora in indoor dust by ribosomal DNA sequence analysis, quantitative PCR, and culture. *Applied and environmental microbiology*, *74*(1), 233–244.
- Prussin, A. J., & Marr, L. C. (2015). Sources of airborne microorganisms in the built environment. *Microbiome*, *3*(1), 1–10.
- Reid, D., Lidwell, O., & Williams, R. (1956). Counts of air-borne bacteria as indices of air hygiene. *Epidemiology & Infection*, *54*(4), 524–532.
- Reuter, J. A., Spacek, D. V., & Snyder, M. P. (2015). High-throughput sequencing technologies. *Molecular cell*, *58*(4), 586–597.
- Rintala, H., Pitkäranta, M., Toivola, M., Paulin, L., & Nevalainen, A. (2008). Diversity and seasonal dynamics of bacterial community in indoor environment. *BMC microbiology*, *8*(1), 1–13.
- Rintala, H., Pitkäranta, M., & Täubel, M. (2012). Microbial communities associated with house dust. *Advances in applied microbiology*, *78*, 75–120.
- Ruokolainen, L., Fyhrquist, N., & Hahtela, T. (2016). The rich and the poor: Environmental biodiversity protecting from allergy. *Current opinion in allergy and clinical immunology*, *16*(5), 421–426.

- Samson, R., Houbraken, J., Thrane, U., Frisvad, J., & Andersen, B. (2010). *Food and Indoor Fungi. Utrecht, The Netherlands: CBS–KNAW Fungal Biodiversity Centre, 390 p. ISBN 978-90-70351-82-3.*
- Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A. R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the national academy of sciences, 74*(12), 5463–5467.
- Schuijs, M. J., Willart, M. A., Vergote, K., ... Hammad, H. (2015). Farm dust and endotoxin protect against allergy through A20 induction in lung epithelial cells. *Science, 349*(6252), 1106–1110.
- Shan, Y., Wu, W., Fan, W., Haahtela, T., & Zhang, G. (2019). House dust microbiome and human health risks. *International Microbiology, 1–8.*
- Sharpe, R. A., Bearman, N., Thornton, C. R., Husk, K., & Osborne, N. J. (2015). Indoor fungal diversity and asthma: A meta-analysis and systematic review of risk factors. *Journal of Allergy and Clinical Immunology, 135*(1), 110–122.
- Shokralla, S., Spall, J. L., Gibson, J. F., & Hajibabaei, M. (2012). Next-generation sequencing technologies for environmental DNA research. *Molecular ecology, 21*(8), 1794–1805.
- Singh, P., Raghukumar, C., Verma, P., & Shouche, Y. (2012). Assessment of fungal diversity in deep-sea sediments by multiple primer approach. *World Journal of Microbiology and Biotechnology, 28*(2), 659–667.
- Sundell, J. (2004). On the history of indoor air quality and health. *Indoor air, 14*(s 7), 51–58.
- Swaebly, M. A., & Christensen, C. M. (1952). Molds in house dust, furniture stuffing, and in the air within homes. *Journal of Allergy, 23*(4), 370–374.
- Zhou, X., Ren, L., Li, Y., Zhang, M., Yu, Y., & Yu, J. (2010). The next-generation sequencing technology: A technology review and future perspective. *Science China Life Sciences, 53*(1), 44–57.
- Żukiewicz-Sobczak, W. A. (2013). The role of fungi in allergic diseases. *Advances in Dermatology and Allergology/Postępy Dermatologii I Alergologii, 30*(1), 42.
- Tedersoo, L., Tooming-Klunderud, A., & Anslan, S. (2018). PacBio metabarcoding of Fungi and other eukaryotes: Errors, biases and perspectives. *New Phytologist, 217*(3), 1370–1385.

- Tringe, S. G., & Rubin, E. M. (2005). Metagenomics: DNA sequencing of environmental samples. *Nature reviews genetics*, 6(11), 805–814.
- Täubel, M., Rintala, H., Pitkäranta, M., Paulin, L., Laitinen, S., Pekkanen, J., Hyvärinen, A., & Nevalainen, A. (2009). The occupant as a source of house dust bacteria. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 124(4), 834–840.
- Van Strien, R., Koopman, L., Kerkhof, M., Oldenwening, M., De Jongste, J., Gerritsen, J., Neijens, H., Aalberse, R., Smit, H., & Brunekreef, B. (2003). Mattress encasings and mite allergen levels in the Prevention and Incidence of Asthma and Mite Allergy study. *Clinical & Experimental Allergy*, 33(4), 490–495.
- Verdier, T., Coutand, M., Bertron, A., & Roques, C. (2014). A review of indoor microbial growth across building materials and sampling and analysis methods. *Building and environment*, 80, 136–149.
- Wilson, J. M., & Platts-Mills, T. A. (2018). Home environmental interventions for house dust mite. *The Journal of Allergy and Clinical Immunology: In Practice*, 6(1), 1–7.
- Wu, Z., Lyu, H., Liang, W., Jing, X., Wang, Y., & Ma, X. (2021). Microbial community in indoor dusts from university dormitories: Characteristics, potential pathogens and influence factors. *Atmospheric Pollution Research*, 12(3), 321–333.
- Yamamoto, N., Hospodsky, D., Dannemiller, K. C., Nazaroff, W. W., & Peccia, J. (2015). Indoor emissions as a primary source of airborne allergenic fungal particles in classrooms. *Environmental science & technology*, 49(8), 5098–5106.

KASUTATUD VEEBIAADRESSID

eAgronom. Mullatervise võistlus „Mullapüksid 2021“. Kasutatud 24.05.2021.

<https://eagronom.com/et/mullapuksid/>

Oliveros, J. C. (2016). “Venny 2.1.0.,” *Venny. An Interactive Tool for Comparing Lists with Venn's Diagrams. (2007-2015)*. Kasutatud 05.08.2021

<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/> (Accessed February 15, 2016).

RStudio Team (2019). RStudio: Integrated Development Environment for R. RStudio, Inc., Boston. Kasutatud 05.08.2021

<http://www.rstudio.com/>

LISAD

Lisa 1: Töös kasutatud praimerite nimetused ja järjestused.

Praimer	Järjestus 5' - 3'
COL.intF_201	ACAACACTCCGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_202	NACAAGTGCTGCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_203	NNACACAGTCCTGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_204	NNNACACCAACACCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_205	ACACCGCACAATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_206	NACACTTCGGCAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_208	NNACAGTGCGTCCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_209	NNNACATACTGAGCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_210	ACATCTAGCAGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_211	NACATTGAAGCGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_212	NNACCACACGTAGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_213	NNNACCACGATGCTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_214	ACCAGCTCAGATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_215	NACCAGTGACTCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_216	NNACCATCCAACGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_217	NNNACCGACGCTTGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_218	ACCGATTAGGTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_219	NACCGGAGTAGGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_220	NNACCGTAAGACATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_221	NNNACCGTGCTCACAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_222	ACCTACTTGTCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_223	NACCTATGGTGAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_224	NNACCTCTATTCGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_225	NNNACCTGATCCGCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_226	ACCTTACACCTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_227	NACCTTGACAAGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_228	NNACGACCTACGCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_229	NNNACGACTGCATAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_230	ACGAGACTGATTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_231	NACGAGGAGTCGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC

COL.intF_232	NNACGATATGGTCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_233	NNNACGATGGTTGATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_234	ACGCACATAACAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_235	NACGCATCGCACTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_236	NNACGCGAACTAATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_237	NNNACGCTAGATTGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_238	ACGCTGTCGGTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_239	NACGGCGTTATGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_240	NNACGTAACCACGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_241	NNNACGTATTCTGAAGGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_242	ACGTGCCTTAGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_243	NACGTGTAGGCTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_244	NNACTAATACGCGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_245	NNNACTACCTCTTCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_246	ACTACTGAGGATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_247	NACTAGACGACTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_248	NNACTAGGATCAGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_249	NNNACTCACAGGAATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_250	ACTCATCTTCCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_251	NACTCCTTGTGTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_252	NNACTCGGCCAACTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_253	NNNACTCTAGCCGGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_254	ACTGAGCTGCATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_255	NACTGTACATGAGGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_256	NNACTGTTCGAGTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_257	NNNACTTCGGATGCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_258	AGAACCGTCATAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_259	NAGAACTTGACGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_260	NNAGAAGGCCTTATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_261	NNNAGAATAGCGCTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_262	AGACACCAATGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_263	NAGACATACCGTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_264	NNAGACGACGTGGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_265	NNNAGAGAGACAGGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC

COL.intF_266	AGAGCATCCACTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_267	NAGAGCGGAACAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_268	NNAGAGTCTTGCCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_270	NNNAGATCGTGCCTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_271	AGATGTCCGTCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_272	NAGATTCGCTCGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_273	NNAGCAACATTGCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_274	NNNAGCAATCGGTATGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_275	AGCACCGGTCTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_276	NAGCAGAACATCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_277	NNAGCAGGCACGAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_278	NNNAGCCGACTCTGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_279	AGCCGGAGAGTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_280	NAGCCTGGTACCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_281	NNAGCGAACCTGTTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_282	NNNAGCGAGAAGTGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_283	AGCGCATATCCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_284	NAGCGGCCTATTAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_285	NNAGCGTCTGAACTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_286	NNNAGCGTTGTCCAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_287	AGCTAGCGTTCAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_288	NAGCTGCACCTAAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_289	NNAGCTGTCAAGCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_290	NNNAGCTTCGACAGTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_207	NACAGACGACGGAGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.intF_269	NNAGATAGCTCGCTGGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC
COL.2198	TAIACYTCIGGRTGICCRAARAAAYCA

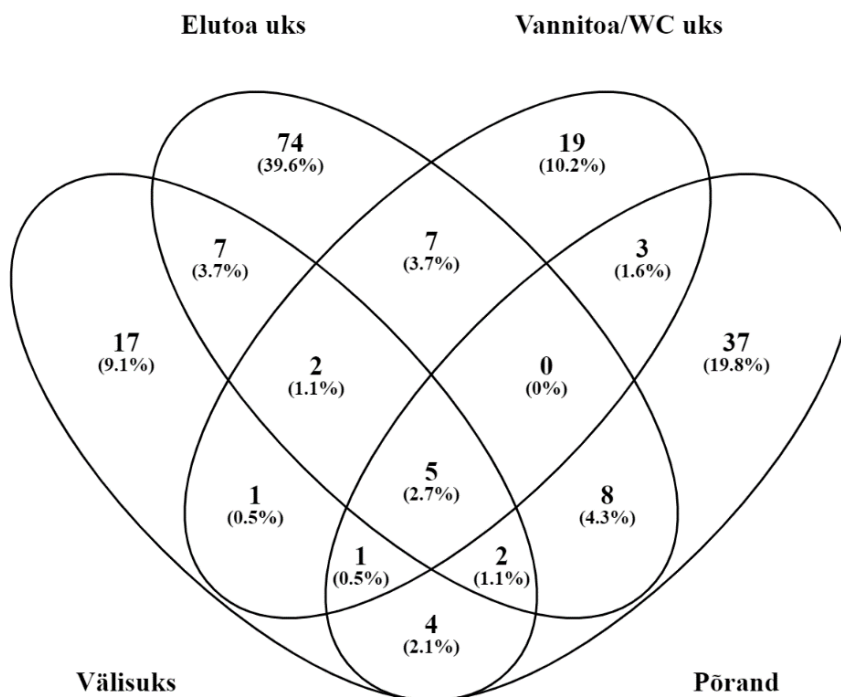
Lisa 2. Analüüsis kasutatud loomade liigid.

Liik	Leidute arv	Kodu	Proovivõtukoht
<i>Acyrtosiphon pisum</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Adalia bipunctata</i>	1	Turu 35	välisuks
<i>Aedes communis</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Agrochola litura</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Agrotis exclamationis</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Anoecia corni</i>	1	Turu 7	välisuks
<i>Anoscopus flavostriatus</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Anthonomus rubi</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Anthrenus museorum</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannittoa uks
<i>Anystis agilis</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Aphis craccivora</i>	1	Turu 7	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Aphis hederæ</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Aphis praeterita</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Aphis sedi</i>	1	Turu 7	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Aphomia sociella</i>	3	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Aporrectodea tuberculata</i>	5	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; elutoa/ magamistoa uks
<i>Athalia rosæ</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Attagenus smirnovi</i>	1	Turu 7	magamistoa/ elutoa uks
<i>Bembidion lampros</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Bombus hypnorum</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Brachysomus echinatus</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Bradysia vagans</i>	4	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks; välisuks
<i>Cantharis rustica</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Cassida flaveola</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Cavariella aegopodii</i>	2	Turu 7; Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
<i>Cavariella theobaldi</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Ceutorhynchus pallidactylus</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Chrysoperla carnea</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Cnephasia asseclana</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Coenosia pumila</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Coleophora mcdunnoughiella</i>	2	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa uks
<i>Coloradoa</i> sp.	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Corticarina minuta</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Cucullia umbratica</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Cylindroiulus caeruleocinctus</i>	2	Mälgi küla	välisuks; elutoa/ magamistoa põrand
<i>Deltocephalus pulicaris</i>	3	Mälgi küla; Turu 35	välisuks; elutoa/ magamistoa uks
<i>Dermatophagoides farinae</i>	21	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks

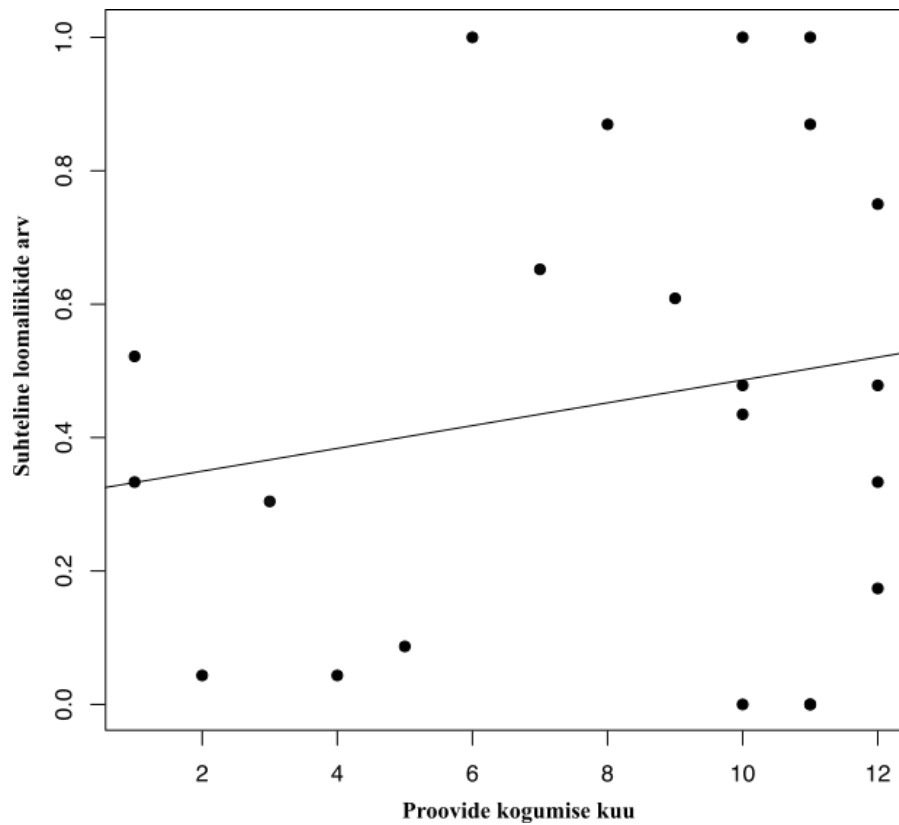
<i>Dermatophagoides pteronyssinus</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Dermestes lardarius</i>	2	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa uks
<i>Doratura stylata</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Dorypteryx domestica</i>	22	Mälgi küla; Turu 35	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannitola uks
<i>Drosophila melanogaster</i>	3	Turu 7; Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Dysaphis rumecicola</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Elaphropeza ehippiata</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Elymana sulphurella</i>	2	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa uks
<i>Errastunus ocellaris</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Forcipomyia tenuis</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannitola uks
<i>Forficula auricularia-A</i>	2	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand
<i>Frankliniella intonsa</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Galeruca tanacetii</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Geophilus flavus</i>	1	Turu 35	välisuks
<i>Hypogastrura socialis</i>	1	Mälgi küla	välisuks
<i>Ischnopteron virens</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannitola uks
<i>Isotoma viridis</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Lasius niger</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Latridius minutus</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Lepidocyrtus lanuginosus</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Lepidocyrtus lignorum</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Lepinotus patruelis</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannitola uks
<i>Liposcelis brunnea</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Liposcelis corrodens</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Lochmaea capreae</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Lonchoptera uniseta</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Longitarsus luridus</i>	3	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Longitarsus succineus</i>	7	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Lycoriella castanescens</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannitola uks
<i>Lygus rugulipennis</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Lysiphlebus sp.</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Macrosiphum rosae</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Meligethes viridescens</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Microneta sp.</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Misumena vatia</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Muscina levida</i>	1	Mälgi küla	välisuks
<i>Myrmica microrubra</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Neriere clathrata</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Noctua fimbriata</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Olibrus bimaculatus</i>	1	Mälgi küla	välisuks

<i>Orthops campestris</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Oryzaephilus mercator</i>	1	Turu 35	magamistoa/ elutoa uks
<i>Otiorhynchus ovatus</i>	1	Turu 7	välisuks
<i>Philodromus cespitum</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannittoa uks
<i>Phyllobius pyri</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Pogonognathellus flavescens</i>	1	Turu 35	magamistoa/ elutoa uks
<i>Pollenia pediculata</i>	1	Turu 7	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Pollenia rudis</i>	1	Mälgi küla	välisuks
<i>Pollenia vagabunda</i>	6	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
<i>Pterocomma jacksoni</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Pterostichus strenuus</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannittoa uks
<i>Ptinus fur</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Rhagoletis</i> sp.	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Rhopalosiphum padi</i>	3	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Ribautodelphax</i> sp.	2	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa uks
<i>Sericoderus lateralis</i>	1	Turu 7	magamistoa/ elutoa uks
<i>Sitobion avenae</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Sminthurinus aureus</i>	3	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
<i>Steatoda bipunctata</i>	1	Mälgi küla	WC/ vannittoa uks
<i>Thaumatomyia</i> sp.	1	Mälgi küla	WC/ vannittoa uks
<i>Therioaphis trifolii</i>	6	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
<i>Trachyphloeus spinosus</i>	1	Turu 35	magamistoa/ elutoa põrand
määramata <i>Annelida</i>	9	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
määramata <i>Arachnida</i>	4	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
määramata <i>Arthropoda</i>	45	Turu 7; Mälgi küla; Turu 35	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
määramata <i>Chromadorea</i>	2	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa uks
määramata <i>Clitellata</i>	1	Mälgi küla	välisuks
määramata <i>Coleoptera</i>	2	Mälgi küla; Turu 35	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks
määramata <i>Collembola</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
määramata <i>Diptera</i>	17	Turu 7; Mälgi küla; Turu 35	magamistoa/ elutoa põrand, magamistoa/ elutoa uks, WC/ vannittoa uks
määramata <i>Entomobryomorpha</i>	2	Turu 7; Mälgi küla	välisuks
määramata <i>Hemiptera</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks

määramata <i>Insecta</i>	20	Turu 7; Mälgi küla; Turu 35	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
määramata <i>Nematoda</i>	5	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
määramata <i>Philodinida</i>	2	Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand
määramata <i>Placozoa</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
määramata <i>Sarcoptiformes</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
määramata <i>Symphyleona</i>	2	Turu 7; Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
<i>Uroleucon hypochoeridis</i>	2	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; WC/ vannittoa uks
<i>Vespula vulgaris</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand
<i>Willowsia nigromaculata</i>	38	Turu 7; Mälgi küla; Turu 35	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
<i>Willowsia</i> sp.	19	Turu 7; Mälgi küla	välisuks; magamistoa/ elutoa põrand; magamistoa/ elutoa uks; WC/ vannittoa uks
<i>Xanthorhoe spadicearia</i>	1	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa uks
<i>Xiphinema brevicollum</i>	3	Mälgi küla	magamistoa/ elutoa põrand; WC/ vannittoa uks



Lisa 3. Venni diagramm, mis näitab tolmus pärinevate mikroorganismide jaotumist neljas proovivõtukoahas (elutoa/magamistoa uks, vannitoa/ WC uks, välisuks, elutoa/ magamistoa põrand).



Lisa 4. Suhtelise loomaliikide arvu ja proovide kogumise kuu seos. Liikide arv on normaliseeritud iga kodu piires vastavalt andmeanalüüsi osas esitatud valemile.

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja üldsusele kättesaadavaks tegemiseks

Mina, Lisann Adamson

1. annan Tartu Ülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) minu loodud teose **Kodutolmus leiduvate mikroorganismide mitmekesisus ja neid mõjutavad tegurid**, mille juhendajad on Jane Oja ja Leho Tedersoo

reprodutseerimiseks eesmärgiga seda säilitada, sealhulgas lisada digitaalarhiivi DSpace kuni autoriõiguse kehtivuse lõppemiseni.

2. Annan Tartu Ülikoolile loa teha punktis 1 nimetatud teos üldsusele kättesaadavaks Tartu Ülikooli veebikeskkonna, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace kaudu Creative Commons'i litsentsiga CC BY NC ND 3.0, mis lubab autorile viidates teost reprodutseerida, levitada ja üldsusele suunata ning keelab luua tuletatud teost ja kasutada teost ärieesmärgil, kuni autoriõiguse kehtivuse lõppemiseni.
3. Olen teadlik, et punktides 1 ja 2 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile.
4. Kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei riku ma teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete kaitse õigusaktidest tulenevaid õigusi.

Lisann Adamson

10.08.2021