TARTU ÜLIKOOL

LOODUS- JA TÄPPISTEADUSTE VALDKOND

BOTAANIKA OSAKOND

MÜKOLOOGIA ÕPPETOOL

Victoria Prins

VEESEENED JA NENDE MITMEKESISUS EESTI VEEKOGUDE SETETES

Bakalaureusetöö

12 EAP

Juhendaja: PhD Kristel Panksep

Kaasjuhendaja: PhD Leho Tedersoo

Tartu 2022

Infoleht

Veeseened ja nende mitmekesisus Eesti veekogude setetes

Ligi 70% Maa pindalast on kaetud veega ning on teada, et seentel on oluline roll kõikides elukeskkondades, kaasa arvatud ka veekeskkondades. Vaatamata sellele on veeseeni võrreldes maismaa seentega uuritud väga vähe ning nende levikut pole põhjalikult kirjeldatud. Käesolevas uurimistöös uuritakse 48 erineva Eesti veekogu seente kooslust ja võrreldakse veeseente levikut seisu-, voolu- ja mereveekogumites. Enimesindatud hõimkonnad olid *Rozellomycota*, *Ascomycota, Chytridiomycota* ja *Basidiomycota* ning liigirikkaimad seltsid *Agaricales, Helotiales* ja *Pleosporales*. Kokku tuvastati kogutud proovidest 339 erinevat seeneliiki. Enim erinevates veekogudes esinevad liigid olid *Zygophlyctis asterionellae*, *Cirrenalia iberica* ja *Zygophlyctis melosirae*.

CERCS kood: B230 Mikrobioloogia, bakterioloogia, viroloogia, mükoloogia

Märksõnad: veeseened, veekeskkond, veeökoloogia

Aquatic fungi and their diversity in Estonian sediments

Around 70% of Earth's surface is covered with water and it's known that fungi play an important role in all habitats around the world. However, there has been a limited amount of research on aquatic fungi compared to their terrestrial counterparts. The purpose of this Bachelor's thesis is to describe the fungal diversity of 48 different Estonian water bodies and compare their diversity in lentic, lotic and marine water bodies. The phyla that were the most abundant were *Rozellomycota*, *Ascomycota, Chytridiomycota* and *Basidiomycota*. In terms of species richness, The most diverse orders were *Agaricales*, *Helotiales* and *Plesoprales*. A total of 339 different fungal species were found from the samples. The species that were present most commonly in different water bodies were *Zygophlyctis asterionellae*, *Cirrenalia iberica* and *Zygophlyctis melosirae*.

CERCS kood: B230 Microbiology, bacteriology, virology, mycology.

Keywords: aquatic fungi, aquatic habitats, aquatic ecology, sediments

Sisukord

Sissejuhatus 6

Veeseened 8

1.1 Seeneriik 8

1.2 Veeseente ökoloogiline funktsioon 9

1.2.1 Patogeensed ja parasiitsed veeseened 9

1.2.2 Veeseente roll aineringes 10

1.3 Veeseente mitmekesisus 11

1.3.1 Veeseente levikut mõjutavad tegurid 12

1.3.2 Veeseente levik merevees 13

1.3.3 Veeseente levik magevees 15

1.3.3.1 Veeseened järvedes 15

1.3.3.2 Veeseened vooluveekogudes 15

1.3.4 Veeseente levik setetes 17

2. Eksperimentaalosa 19

2.1 Töö eesmärgid 19

2.2 Materjal ja metoodika 19

2.2.1 Valimi kirjeldamine 19

2.2.2 Molekulaarsed meetodid 19

2.3 Tulemused ja arutelu 21

2.3.1 kõik proovid üldiselt 21

2.3.2 seisuveekogud 26

2.3.3 vooluveekogud 28

2.3.4 merevekogud 30

2.3.5 seisu-, voolu- ja mereveekogude võrdlus 32

Kokkuvõte 34

Aquatic fungi and their diversity in Estonian water sediments 35

Tänusõnad 36

Kasutatud allikad 37

Lisad 45

Lisa 1: Proovialade kaardid 45

Lisa 2: Kasutatud praimerid ja nende järjestused 47

Lisa 3: Kõik tuvastatud liigid koos veekogudega, kus need esinesid 50

Lisa 4: Põhja- ja Lõuna-Eesti ühised seeneliigid 68

Lisa 5: Voolu- ja seisuveekogude kattuvad liigid 71

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja üldsusele kättesaadavaks tegemiseks 74

Kasutatud lühendid

DNA - desoksüribonukleiinhape (*deoxyribonucleic acid*)

OTU - taksonoomiline üksus (*operational taxonomic unit*)

PCR - polümeraasi ahelreaktsioon (*polymerase chain reaction*)

ITS - sisemised transkribeeritavad vahejärjestused (*Internal Transcribed Spacers*)

rDNA - ribosomaaalne DNA

RNA - ribonukleiinhape (*ribonucleic acid*)

rRNA - ribosomaalne RNA

Sissejuhatus

Seeneriiki kuuluvaid liike on ligikaudu 6 korda rohkem kui taimeriiki kuuluvaid — arvatakse, et maailmas on umbes 5,1 miljonit liiki seeni (Blackwell, 2011). Seened mõjutavad kõiki ökosüsteeme, sest tegu on patogeenide, lagundajate, parasiitide ja sümbiontidega ning neid leiab kõikvõimalikest elukeskkondadest — nii maismaalt, pinnasest, õhust, veekogude setetest kui ka veest. Kuna seened mängivad suurt rolli kõikjal, on nende koosseisu uurimine erinevates ökosüsteemides oluline, sest see aitab täpsemalt kirjeldada looduses toimuvaid bioloogilisi protsesse.

Veelise eluviisiga seeni on uuritud kordades vähem kui maismaa seeni. Richardsi jt (2012) artiklis on öeldud, et kõikidest maailmas uuritud seentest moodustavad mereseened vaid ligikaudu 1%. Brandão jt (2021) teadustöö raames uuriti merevees elavate seente koosseisu ning selgus, et nelja levinuma seene perekonna seas oli kolm perekonda, mis sisaldavad patogeenseid liike: *Aspergillus* spp, *Candida* spp ja *Cryptococcus* spp. *Aspergillus* võib põhjustada ägedaid hingamisteede infektsioone. Iversen jt (2007) uurimistöös analüüsiti kopsusiirdamise ning perekonna *Aspergillus* seente poolt põhjustatud infektsioonide vahelisi seoseid, ning selgus, et uuritud patsientidest 31%-l leidus kehas nimetatud perekonna seeni. Leiti, et see suurendas viie aasta jooksul nende patsientide surmariski. Perekonda *Cryptococcus* kuuluvad patogeensed liigid *C. neoformans ja C. gattii,* mis tekitavad nõrgenenud immuunsüsteemiga inimestes närvisüsteemiga seotud haiguseid (Li & Mody, 2009). *Candida* perekonda kuuluvad liigid põhjustavad nii ägedaid kui ka kroonilisi limaskestade põletikke (Bongomin jt, 2017). Kuna veeseened võivad otseselt mõjutada ka inimese tervist, siis vees elavaid seeneliike uurides, oleks võimalik ennetada erinevaid terviserikkeid ning tagada patsientidele asjakohane ravi. Kui on teada, mis piirkondades millised patogeenid levivad, on kergem patsientide haigusi diagnoosida. Näiteks, kui inimesel on nõrgenenud immuunsüsteem, siis ta teab vältida veekogusid, kus on tema jaoks potentsiaalselt eluohtlikud patogeenid.

Kuna veeseeni on senini maailmas veel võrdlemisi vähe uuritud, algatasid Tartu Ülikool ja Eesti Maaülikool 2019. aastal rahvusvahelise koostööprojekti "FunAqua". Nimetatud projekti raames töötasid TÜ ja EMÜ teadlased esmalt välja standardsed protokollid vee- ja setteproovide kogumiseks ning analüüsimiseks, eesmärgiga kirjeldada

veeseente elurikkust globaalselt. FunAqua raames on praeguseks hetkeks kogutud ligikaudu 1500 vee- ja setteproovi erinevatest maailma veekogudest. Käesoleva uurimistöö raames analüüsiti nendest proovidest erinevatest Eesti veekogudest kogutud osahulka (n=48). Proovidest eraldati DNA (desoksüribonukleiinhape) kasutades *MagAttract PowerSoil DNA Kit* (Qiagen, Saksamaa) DNA eralduse komplekti, huvipakkuv DNA regioon amplifitseeriti polümeraasi ahelreaktsiooni abil (PCR)(ingl k *polymerase chain reaction*), mille käigus lisati proovile ka proovi identifitseerimiseks vajalikud indeksjärjestused. Pärast PCR-i saadeti proovid Oslo Ülikooli laborisse *PacBio* instrumendil sekveneerimiseks ning saadud tulemused analüüsiti bioinformaatiliste meetoditega.

1. Veeseened

Veeseened on seente alagrupp, mis on kategoriseeritud mitte taksonoomia vaid ühise elukeskkonna järgi — tegu on veekeskkonnas elavate seentega. Oma loomu poolest jaotatakse veeseened omakorda residentseteks ja transientseteks veeseenteks. Residentsed veeseened on suutelised elama terve oma elutsükli vältel ainult veekeskkonnas, transientsed veeseened on aga võimelised elama ka maismaal ning võivad olla sattunud vette tuule või lainetega (Wyngaert & Kagami, 2022). Kokku on kirjeldatud u 1100 merelist veeseene liiki (Amend jt 2019), kuid oletatakse, et kokku võib neid olla 9500-12500 (Jones, 2011). Magevees elavate seeneliikide arvukust ei ole seni hinnatud (Jones jt, 2014).

1.1 Seeneriik

Seeneriigis võib morfoloogiline varieeruvus olla väga suur: seened võivad olla nii makro- kui ka mikroskoopsed, nii mobiilsed kui ka sessiilsed, ning ühe- ja mitmetuumalised (Bueno & Silva, 2014). Enamasti on neile omaseks tunnuseks kitiini sisaldusega rakukest, kitiinse kaitsekestaga eosed ning neil puuduvad kõikidel eluetappidel liikumisorganellid/ liikumisorganid (Margulis & Chapman, 2009).

Pärisseened jagunevad järgnevatesse suurematesse taksonitesse: *Rozellomycota*, *Aphelidiomycota, Chytridiomycota*, *Neocallimastigomycota*, *Blastocladiomycota*, *Zoopagomycotina*, *Mucoromycota*, *Glomeromycota*, *Ascomycota* ja *Basidiomycota* (Tedersoo jt, 2018). *Rozellomycota* on monofüleetiline rühm (Tedersoo jt, 2018) ja selle rühma seentel puuduvad kõikidel eluetappidel kitiinkestad (Jones jt, 2011). *Aphelidiomycota* seened on obligatoorsed vetikate ja ränivetikate endoparasiidid, kelle zoospooridel on posterioorselt asetsevad viburid (Letcher & Powell, 2019). *Chytridiomycota* liikidele on iseloomulikud rakuseinata aseksuaalsed eosed, mis liiguvad viburite abil, ning neid leidub muldades ja veekogudes (Longcore & Simmons, 2012). *Neocallimastigomycota* puhul on tegemist obligatoorsete anaeroobsete ja mitokondriteta seentega, mille eostel on on üks või mitu posterioorselt asetsevat viburit ja neid leidub herbivooride seedetraktis, kus nad on tänu oma ligniolüütilistele võimetele abiks tselluloosi ja hemitselluloosi seedimisel (Gruninger jt, 2014). *Blastocladiomycota* isendid on magevees ja mullas leiduvad ühe viburiga zoospooridega seened, kellel on saprotroofne ja parasiitne eluviis (Powell, 2017).

Zoopagomycota alla kuuluvad erinevad endo- ja ektoparasiidid, mis võivad olla mükoparasiid ja ka amööbide ning selgrootute suhtes kiskjalised/parasiitsed seened (Moore jt, 2020). *Mucoromycota* liigid on tihedalt seotud taimedega, lagundades taimede jäänuseid ning olles nii sümbiondid taimedega nende juurtel (Bonfante & Venice, 2019). *Glomeromycota* on monofüleetiline rühm, mille liigid on võimelised moodustama arbuskulaar-mükoriisset kooselu 80% maismaa taimedega ja on seetõttu aidanud kaasa taimede laialdasele levikule (Taylor jt, 2015). *Ascomycota* rühm on suurim ja mitmekesiseim seente rühm, millele on iseloomulikuks seksuaalne reproduktsioon, mille käigus tekib eoskott (Taylor jt, 2015). *Ascomycota* hõimkonna alla kuulub ligikaudu 110000 liiki ja on liigirikkaim hõimkond seeneriigis (Wijayawardene jt, 2015). Lisaks seksuaalsele reproduktsioonile esineb neil ka aseksuaalse reproduktsiooniga liike, mis moodustavad paljunemiseks spoore, mida nimetatakse koniidideks (Watkinson jt, 2016). *Basidiomycota* rühm moodustab ⅓ siiani kirjeldatud seeneliikidest ja neid eristab teistest seentest basiidid, kus moodustuvad sugulised eosed (He & Zhao, 2021). Lisaks basiididele on neil omaseks ka väljakasvud ehk pandlad septa kohal (Watkinson jt, 2016). *Basidiomycota* liike on praeguseks kirjeldatud üle 40000 (He jt, 2022)

1.2 Veeseente ökoloogiline funktsioon

Osad veeseened oma parasiitse eluviisiga võivad põhjustada paljudele veeorganismidele surma, kuid sellele vaatamata on neil oluline roll veekogude elukeskkonna kujundamisel.

1.2.1 Patogeensed ja parasiitsed veeseened

Patogeensed ja parasiitsed veeseened võivad olla mitmetele veeorganismidele fataalsed, sealhulgas ka näiteks korallidele. McClanahani (2004) uurimistöös kirjeldati korallide seenhaigust, mille tõttu muutusid korallid värvilt kahvatuks ja heledaks ning nende struktuur õrnaks ja rabedaks, mis põhjustas korallide lagunemise ja surma. Kariibi saartel ja Kolumbia Vaikse ookeani rannikul levib korallide aspergilloos, mis on *Aspergillus sydowii* poolt põhjustatud seenhaigus (Soler-Hurtado jt, 2016). Aspergilloos mõjutab eelkõige kork-korallilisi, põhjustades kudede nekroosi ning populatsiooni arvukuse vähenemist (Rypien, 2008).

Kaladel ja veekogudes elavatel selgrootutel esineb samuti mitmeid erinevaid seenhaigusi. Hatai (2012) uurimuses tutvustati Jaapani vetes leiduvate kalade ja koorikloomade seas leiduvaid seenhaigusi, millest kõige levinumad haiguse põhjustajad on mitospoorsed seened, sealhulgas *Fusarium*, *Ochroconis, Exophiala* ja *Scytalidium* perekondade liigid. *Fusarium solani* on seeneliik, mis tekitab mitmetel kalaliikidel ning hailaadsetel haavandeid, mis võivad sageli põhjustada isendi surma (Petty & Francis-Floyd, 2015). Munchan jt (2006) töös uuriti *Ochroconis humicola* poolt põhjustatud siseorganite infektsiooni *Pseudocaranx dentex* seas. Selles uurimuses tehti kindlaks, et 25% *Pseudocaranx dentex* isenditest ühes Jaapani kalafarmis surid *Ochroconis humicola* tõttu. *Exophiala* liikide poolt põhjustatud seenhaigused levivad rohkearvuliselt külmavereliste veeloomade seas, põhjustades mõnel juhul pandeemiaid ning tappes ligi 50% nakatunud veeloomadest (Hoog jt, 2011). *Scytalidium* perekonna liigid tekitavad kaladel väliseid haavandeid, jättes sisemised organid kahjustamata (Hatai, 2012).

Veeseened võivad potentsiaalselt ohustada nii selgroogseid kui ka selgrootuid veeloomi ning patogeensete/parasiitsete veeseente laiaulatuslik levik võib põhjustada veeorganismide populatsioonide vähenemist.

1.2.2 Veeseente roll aineringes

Veeseentel on oluline roll veekogude ökosüsteemide funktsioneerimises. On teada, et nad on olulised lagundajad ning nende toodetud ainevahetussaadused kujundavad keskkonna aineringet (Grossart jt, 2016). Siiski on suur osa nende tähtsusest veekogu aineringes veel kirjeldamata, kuna pikka aega ei olnud sobilikke meetodeid veeseente biomassi ja aktiivsuse hindamiseks (Grossart jt, 2019).

Sinivetikate parasiitsed seened on olulised veekogude toiduahelate kujundajad. *Chytridiomycota* mõned liigid parasiteerivad sinivetikatel, lagundades nende kolooniaid väiksemateks üksusteks, muutes nad sobilikumaks toiduobjektiks zooplankteritele (Frenken jt, 2020). Zooplanktonil on veekogude toiduahelas keskne roll, sest neist toituvad omakorda väiksemad kalad ja mitmed teised veeorganismid (Bakhtiyar jt 2020).

Seente ainevahetus mõjutab veekeskkonna mikrobioloogilist kooslust. Roberts jt (2020) uuringus hinnati *Chytridiomycota* osatähtsust partikulaarse orgaanilise ainega (POM) seotud

bakterite mitmekesisuse formeerumisel veekeskkonnas, kusjuures POM-ina kasutati kitiini. Katsete käigus selgus, et bakterite liigiline mitmekesisus kontrollkultuuris, kus seened puudusid, langes,, kuid kasvas kultuurides, kuhu *Chytridiomycota* seened olid lisatud. Autorite sõnul põhjustas erinevuse *Chytridiomycota* poolt kitiinist toodetud laguproduktide olemasolu, tänu millele oli ligipääs toitainetele ka kitiini mittelangudavatel bakteritel. (Roberts jt, 2020).

Ligninolüütilisi ensüüme tootvad veeseened kujundavad veekeskkonna süsinikuringet (Abelho jt, 2018). Vette sattuvad lehed muudetakse veeseente poolt toodetud ligninolüütiliste ensüümidega teistele organismidele kättessaadavamaks, võimaldades kasutada seda toitainete allikana (Kerr jt, 2013). Veeseente aktiivsus võib ka vähendada süsiniku sisaldust vees — Senga jt (2018) töös uuriti vetikatele parasiitsete *Chytridiomycota* seente mõju vetikatest saadud lahustunud orgaanilise aine kogusele ja leiti, et parasiitsete seente viimine katsekeskkonda langetas lahustunud orgaanilise süsiniku sisaldust.

1.3 Veeseente mitmekesisus

Kuigi veeseeni leidub peaaegu kõikides veekeskkondades, on informatsioon veeseente mitmekesisuse kohta puudulik, sest tegu on vähe uuritud osaga mükoloogias (Grossart jt, 2019). Informatsiooni nappust võimendab asjaolu, et seeneriigis on palju nn tumeaine seeni (ingl k *dark matter fungi*), mida on leitud keskkonna DNA proovidest, kuid mida ei ole veel kirjeldatud seeneriigi taksonoomias ning mille ökoloogilised funktsioonid on teadmata; oletatakse, et suur hulk tumeaine seeni on zoospoore moodustavad veeseened, mis on saprotroofsed või parasiitsed (Grossart jt, 2015).

Veeseente uurimisel on üheks probleemiks ka ribosomaalse DNA (rDNA) sisemiste transkribeeritavate vahejärjestuste (ITS) (ingl k *Internal Transcribed Spacers*) regiooni praimerite kasutamine. Need praimerid on disainitud maismaa seente põhjal (peamiselt *Basidiomycota* ja *Ascomycota*) ning amplifitseerivad tänu sellele suurema tõenäosusega nende taksonite rDNA regioone, jättes ülejäänud veeseened vähemusse. Lisaks sellele amplifitseerivad ITS rDNA praimerid ka teiste eukarüootide vastavat rDNA regiooni, mille tõttu leitakse proovidest ka zooplankterite, selgrootute ja taimede amplikone, raskendades seeläbi andmete tõlgendamist. (Amend jt, 2019).

Kuna üldistav informatsioon veeseente leviku kohta on kasin, on paslik kirjeldada nende levikut lähtudes kitsamatest kategooriatest, näiteks elukeskkonna soolsusest ning Euroopa veekogudes leiduvatest seentest, kuna käesoleva töö praktilises osas on uuritud Eesti veekogudest korjatud setteproove. Järgnevates alapeatükkides kirjeldatakse varasemaid uurimistöid, mille raames on uuritud veeseente levikut, jagades veekeskkonna mereveeks ja mageveeks ning keskendudes peamiselt Euroopa veekogude põhjal tehtud uurimustele.

1.3.1 Veeseente levikut mõjutavad tegurid

Veekogus elavate seente kooslust mõjutavad veekogu soolsus ja aastaaeg. Läänemere soolsusgradiendil on märgata, et erinevatel soolsustel domineerivad erinevad taksonid. Läänemere soolsus jääb vahemikku 3 kuni 34 PSU. Piirkondades, kus soolsus on alla 8 PSU, on seente kooslus sarnane magevee seente kooslusele: domineerivaks hõimkonnaks on *Chytridiomycota* ja selle alla kuuluvad seltsid *Rhizophydiales*, *Lobulomycetales*, ja *Gromochytriales*. Kõrgema soolsusega aladel on suvel enimlevinumaks *Ascomycota* hõimkond, millest omakorda domineerisid seltsid *Cladosporium* ja *Saccharomyces*. Talvel on kõrgema soolsusega piirkondade veeseente kooslus mitmekesisem kui suvel — lisaks *Ascomycota* seentele on suures osas esindatud ka *Basidiomycota* seened. (Rojas-Jimenez jt, 2019).

Veekogude troofsusel on samuti oluline roll seente koosluse tekkimisel. Jobard jt (2012) võrdlesid kolme lähestikku paikneva Prantsusmaa järve (Pavin, Aydat ja Vassivière) seente kooslust. Pavin on oligotroofne, Aydat mesotroofne ja Vassivière eutroofne järv. Pavini järves moodustas *Ascomycota* 62%, *Chytridiomycota* 26% ja *Basidiomycota* 12% seentest. Aydati järves *Basidiomycota* seeni ei leitud, aga *Chytridiomycota* moodustas 84% ja *Ascomycota* 16% seentest. *Vassivière* järves moodustas *Chytridiomycota* 47%, *Ascomycota* 33% ja *Basidiomycota* 20% seentest. Tulemustest selgus, et troofsus on seotud tugevalt seente kooslusega veekogus. (Jobard jt, 2012).

Veeseente kooslust kujundavad ka vees leiduvad keemilised ühendid. Cudowski jt (2015) uurimuses analüüsiti Poolas asuva Augustow'i kanali veeseeni, et leida seoseid kanali varieeruva keemilise koostise ja selles levivate seente vahel. Uuringu tulemustest järeldati, et veeseente kooslus kanali erinevates osades sõltus kloriidide, sulfaat(IV) ioonide,

elektrolüütide ja orgaaniliste ainete sisaldusest ning vetikate biomassist. Kanalist tuvastati 38 erinevat seeneliiki. Liigid *Heliscus sp.*, *Tricladium sp.*, *Varicosporium sp.*, *Flagellospora sp.* ja *Lunulospora sp.* esinesid kõikides analüüsitud piirkondades, mis viitab nende liikide võimekusele tulla toime väga erinevates keskkonnatingimustes. Avateisseente (*Hyphomycetes)* liikide arvukus oli negatiivses korrelatsioonis klorofüll a sisaldusega vees, kuid seente koguarvu see ei mõjutanud. Avateisseente levikut mõjutas ka veesaaste — mida kõrgem oli saasteainete sisaldus, seda madalam oli avateisseente arvukus. Seente liigiline arvukus oli kõrgeim kanalis, mis läbis Dębowo küla. Selles alas oli kõrge orgaanilise süsiniku, lämmastiku, kloriidide ja sulfaat(IV) ioonide sisaldus, mis võimaldas väga erinevatel seeneliikidel selles keskkonnas elada. (Cudowski jt, 2015).

Vette sattunud fungitsiidid avaldavad negatiivset mõju ka nendele veeseentele, mis pole otsesteks sihtmärkliikideks. Pimentão jt (2020) töös uuriti laboritingimustes erinevate fungitsiidide mõju veeseentele, sealhulgas seente arvukusele ja nende võimele lagundada vette sattunud lehti. Vaadeldavateks fungitsiidideks olid tebukonasool, klotrimasool ja terbinafiin. Tebukonasool ja klotrimasool vähendasid seente biomassi ja sporulatsiooni sagedust. Terbinafiin seente biomassi ei mõjutanud, kuid tõstis sporulatsiooni sagedust. (Pimentão jt, 2020).

Kuna veeseente üheks funktsiooniks veekogudes on orgaanika lagundamine, mõjutab nende levikut ka lagundatava materiali olemus, näiteks vette sattunud taimelehtede puhul nende liik. Claeson jt (2014) artiklis kirjeldati seente võimekust lagundada Põhja-Ameerikas leviva invasiivse voolja pargitatra (lad k *Fallopia japonica*) lehti võrreldes lepa ja ahtalehelise papliga. 56 päevalise katse käigus võrreldi seente biomassi lepa, ahtalehelise papli ja voolja pargitatra lehtedel. Katse lõpuks olid kõigi kolme taimeliigi lehed peaaegu täielikult lagunenud, ühtlasi oli kõige kõrgem seente biomass ahtalehelise papli lehtedel ja madalaim voolja pargitatra lehtedel. (Claeson jt, 2014).

1.3.2 Veeseente levik merevees

Veeseeni leidub kõigis merevee elukeskkondades. Amend jt (2019) töös on öeldud: ,,Seeni on leitud peaaegu kõikidest uuritud mere elukeskkondadest, sealhulgas setetest, veesambast, triivpuidult, sessiilsetest ja mobiilsetest selgrootutest, vetikatest ja

mereloomadest, alates merepõhjast lõpetades merepinnaga." Meres elavaid veeseeni jaotatakse eluviisi järgi obligatoorseteks ja fakultatiivseteks mereseenteks; obligatoorsed mereseened on võimelised elama ainult merevees, fakultatiivsed võivad elada ka teistes keskkondades (Overy jt, 2014).

Richards jt (2015) töös uuriti 130. erinevas merevee- ja setteproovides olevaid veeseeni (proovid olid korjatud kõigist kuuest Euroopa merest). Veesambast korjatud veeproovidest amplifitseeriti ribosomaalse ribonukleiinhappe (rRNA) (ingl k *ribonucleic acid*) väikse alaühiku (SSU) (ingl k *small subunit*) geen, setteproovides aga SSU-rDNA lookus. Setetes ja veesambas enimlevinumaks hõimkonnaks osutus *Chytridiomycota*, mis moodustas setetes 61% ja veesambas 48% sekventsidest. Teisel kohal oli nii setetes kui ka veesambas tuvastamata seente sekventsid, mis moodustasid vastavalt 13% ja 22%. Ka kolmanda ja neljanda koha hõimkonnad olid veesambas ja setetes samad: kolmas enimlevinum hõimkond oli *Basidiomycota*, mis moodustas setetes 9% ja veesambas 15%, neljas enimlevinum hõimkond oli *Ascomycota*, mis moodustas setetes 5% ja veesambas 7%. (Richards jt, 2015).

Tibell jt (2020) uurimus keskendus Läänemeres elavatele veeseentele. Uurimuse käigus kultiveeriti veeseeni kartulidekstroosi tassidel. Seente kultuurid saadi vees oleva puidu pinnal olevatest viljakehadest. Veeseente liigid tuvastati peamiselt morfoloogia alusel, kuid protsessi lihtsustamiseks kasutati ka DNA analüüsi. Kokku tuvastati 77 erinevat liiki veeseeni. Enamik leitud liikidest kuulusid *Ascomycota* hõimkonda, millest 42 liiki kuulusid *Sordariomycetes* klassi. *Basidiomycota* hõimkonnast oli esindatud 2 liiki: *Digitatispora marina* ja *Leucosporidium scottii*. Esindatud olid ka *Chytridiomycota* ja *Cryptomycota* hõimkonnad. Veest leiti ka liigid T*richocladium constrictum* ja *T. lignicola*, mida on siiani täheldatud vaid Läänemeres. (Tibell jt, 2020).

Hagestad jt (2020) uurimistöös käsitleti Svalbardi Artika saarestiku vees elavaid kultiveeritavaid veeseeni. Inokuleeritavad seened võeti setetest, mereveest, triivpuidult, viljakehadest ja vetikatelt. Inokuleerimisel kasutati erinevaid tardsöötmeid. Uurimuse eesmärk oli tuvastada erinevaid liike ja nende liikide bioaktiivsust. 73% kultiveeritud

seentest kuulusid *Ascomycota* hõimkonda; *Mucoromycota* moodustas 18%, protistid *Oomycota hõimkonnast* 6% ja *Basidomycota* 3%. (Hagestad jt, 2020).

1.3.3 Veeseente levik magevees

Mageveeseente liikide täpne arv on teadmata ja neid on märkimisväärselt vähe kirjeldatud — valdav osa uurimustest sellel alal on üksikute hõimkondade kaupa ja ei anna terviklikku ülevaadet üldisest veeseente levikust magevetes (Jones jt, 2014). Järgnevates alapeatükkides tehakse ülevaated mõningatest uurimistöödest, mis on jõgede ja järvede veeseente kohta koostatud.

1.3.3.1 Veeseened järvedes

Wurzbacher jt (2016) analüüsisid kokku 216 vee- ja setteproovi, mis korjati Saksamaal olevast Stechlini järvest. Proovidest leiti 1027 seentele kuuluvat OTUt, nendest oli võimalik perekonna ja sugukonna tasemel liigitada 23%. Pelaagilistes vetes olid arvuliselt ülekaalus hõimkonna *Chytridiomycota* seltsid *Spizellomycetales* ja *Rhizophydiales*. Setteproovides oli rohkem *Rhizophydiales* seeni ja veeproovides *Spizellomycetales* seeni, kuid järve põhjas ja põhjasetetes domineerisid *Ascomycota* seltsid *Capnodiales* ja *Helotiales*. (Wurzbacher jt, 2016).

Poolas asuva Augustowska metsas uuriti kuues erinevas järves (Biale, Necko, Sajno, Sajenek, Studzieniczne ja Długie) olevaid seeni ja leiti 34 stramenopiili ja 10 seene liiki. *Chytridiomycota* liike oli 6 tükki (*Asterophlyctis irregularis*, *Chytridium xylophilum*, *Nowakowskiella elegans*, *N. macrospora*, *Phlyctochytrium aureliae*, *Rhizophlyctis rosea*), *Blastocladiomycota*, *Ascomycota* ja *Saccharomycota* hõimkondadest leiti 1 liik hõimkonna kohta, vastavalt *Catenophlyctis variabilis*, *Aspergillus niger* ja *Candida tropicalis.* Liigirohkeim järv oli Sajenek, kus tuvastati 22 erinevat stramenopiili ja seene liiki. Tegemist on kõrge hapniku-, lämmastiku- ja fosfaadisisaldusega järvega ning see võib olla selle veekogu liigirikkuse põhjustaja. (Godlewska jt, 2013).

1.3.3.2 Veeseened vooluveekogudes

Euroopa riikidest on Poolas teostatud mitmeid uurimistöid jõgede veeseente kohta. Üheks niisuguseks tööks on Muszyńska jt (2014) uurimus Narew jõest, kus leiti kolmest erinevast punktist kokku 15 erinevat seeneliiki, millest 3 kuulusid *Ascomyocta*, 6 *Blastocladiomycota, 5*

Chytridiomycota ja 1 *Zygomycota* alla. Pietryczuk jt (2017) uurimuses kirjeldati valitud Augustów'i jõgede seenelist kooslust ning enimlevinumateks liikideks olid *Candida albicans*, *Acremonium implicatum*, *Chrysosporium keratinophilum*, *Trichosporon cutaneum*, *Rhodothorula rubra*, *Helicoon gigantisporum*, *Heliscus lugdunensis*, ja *Tetracladium maxilliforme*.

Seena jt (2019) analüüsisid 69°N ja 44°S pikkuskraadide vahele jäävate ojade lehe-lagundajatest seente mitmekesisust. Töös analüüsiti kokku 19 oja kooslusi, 6 nendest uuritud ojadest asusid Euroopas (Norra, Saksamaa, Itaalia, Prantsusmaa, Hispaania ja Portugal). Prantsusmaal, Saksamaal ja Itaalias moodustasid veeavateisseened ligikaudu 50% seente populatsioonist. Saksamaa ja Prantsusmaa ojade kooslused olid sarnased: mõlemas oli enimlevinumaks klassiks *Rhizophydiomycetes*, mis moodustas mõlemas ojas üle 50% taksonoomilstest ühikutest (OTU)(ingl k operational taxonomic unit), millele järgnes *Leotiomycetes*, mis moodustas ⅓ OTU-dest. Hispaania ja Portugali koosluste puhul oli samuti sarnasusi: Portugalis moodustas *Mucoromycetes* ca 50%, *Eurotiomycetes* ca 30%, *Rhizophydiomycetes* ca 20% OTU-dest; Hispaanias moodustas *Mucoromycetes* ca 30*%, Eurotiomycetes* ca 50%, *Rhizophydiomycetes* ca 20% OTU-dest. Itaalias domineeris *Leotiomycetes* (ca 60% OTU-dest), millele järgnesid *Sordariomycetes* (ca 20% OTU-dest) ja tuvastamata seened (ca 15% OTU-dest). Norras moodustas *Dothideomycetes* ca 40% ja tuvastamata seened ca 30% OTU-dest. (Seena jt, 2019).

Käesolevas lõigus on toodud lühiülevaade mõnest jõest, mis ei asu Euroopas. India Tamiraparani jõest on leitud 12 erinevat liiki: *Aspergillus sp.*, *Trichoderma viride*, *Cladosporium sp.*, *Fusarium sp.*, *Geotrichum sp.*, *Mucor sp.*, *Rhizopus sp.*, *Penicillium sp.*, *Alternaria sp.*, *Beauveria sp.*, *Sporothrix sp.* ja *Phialophora sp* (Padmini jt, 2013). Faten (2016) uuris oma töös Egiptuse Niiluse jõe veeseente kooslust ning leidis 99 taksonit, millest *Ascomyocta* alla kuulusid 42 seksuaalse ja 55 aseksuaalse reproduktsiooniga taksonit ja 2 *Basidiomycota* alla kuuluvat taksonit. Nigeeria Rooro ja Orisa jõgedest on leitud 14 seente perekonda: *Alternaria*, *Anguillospora*, *Aspergillus*, *Corollospora*, *Cylindrocladium*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Trichoderma*, *Achyla*, *Dictyuchus*, *Phytophthora*, *Saprolegnia*, *Rhizopus* ja *Mucor* (Osemwegie jt, 2014).

1.3.4 Veeseente levik setetes

Richards jt (2015) töös ilmnes, et samas veekogus võib veeseente levik kihiti erineda. Ka Tisthammer jt (2015) uurimuses selgus, et uuritavate veekogude veesambas ja veesettes kattusid tuvastatud OTU-d vaid ligikaudu 15%. Selles alapeatükis tutvustatakse põgusalt varasemaid uuringuid, kus on uuritud setetes olevaid veeseeni.

Svalbardi Arktika saarestiku alla kuuluva saare Kongsfjordeni vetes viidi läbi uurimistöö Zhang jt (2015) poolt. Uurimuse fookuseks olid selle piirkonna setete seened ja proove korjati kokku kaheksast erinevast asukohast. Valdav osa leitud seentest kuulusid *Ascomycota* hõimkonda, mille levinuimaks klassiks oli *Sordariomycetes*. Sellest järgnevad enimesindatud klassid olid *Saccharomycetes*, *Leotiomycetes*, *Dothideomycetes*, *Eurotiomycetes* ja *Pezizomycetes*. Hõimkonnale *Ascomycota* järgnes *Basidiomycota,* mille levinuimaks ja mitmekesiseimaks klassiks oli *Agaricomycetes.* Lisaks neile kahele hõimkonnale leiti ka *Zygomycota*, *Glomeromycota*, *Chytridiomycota* ning ka tundmatuid seeni. (Zhang jt, 2015). *Zygomycota* hõimkond enam ei eksisteeri, sest selle rühmitus baseerus fenotüübilistele tunnustele, mis ei klappinud hiljem kirjeldatud molekulaarsetele fülogeneetilistele leidudele, ja see hõimkond jagunes *Mucoromycota* ja *Zoopagomycota* hõimkondadeks (Spatafora jt, 2016).

2012. aastal korjati Venemaal Tšuktši merest 22 setteproovi. Setteproovidest saadud seened inokuleeriti agaritassidele ning määrati peamiselt morfoloogiliste tunnuste alusel, kuid täpsemate tulemuste jaoks kasutati ka molekulaar-geneetilisi meetodeid. Saadud seente seas olid ülekaalus *Ascomyocta* seened, millest omakorda kõige levinum ja kõige liigirikkam oli selts *Eurotiales*, järgnesid *Helotiales* and *Pleosporales*. Teiseks tuvastatud hõimkonnaks oli *Basidiomycota*. (Bubnova & Konovalova, 2019).

Lisaks Tšuktši merele on uuritud Venemaal ka Valge mere setete seente kooslust. Khusnullina jt (2018) viisid läbi uurimistöö, mille raames kultiveeriti setetest saadud seeni nii aeroobsetes kui ka anaeroobsetes tingimustes. Taksonoomiliselt kõige mitmekesisemaks hõimkonnaks osutus *Ascomycota*. Sellest hõimkonnast leiti klassid *Hypocreales,*

Microascales, *Eurotiales*, *Capnodiales*, *Pleosporales* ja *Saccharomycetales*. *Basidiomycota* hõimkonnast oli leitav ainult klass *Agaricales*. (Khusnullina jt, 2018).

2. Eksperimentaalosa

2.1 Töö eesmärgid

Käesolev uurimus on osa EMÜ PKI Hüdrobioloogia ja kalanduse õppetooli ja TÜ mükoloogia õppetooli koostööprojektist *FunAqua*. *FunAqua* eesmärgiks on kaardistada erinevates maailma veekogudes ja nende setetes leiduvaid veeseeni, mille abil on võimalik koostada ulatuslik veeseente andmebaas. Käesoleva töö eesmärk on kirjeldada 48 Eesti veekogu setetest leitud seente mitmekesisust (proovialade kaart, lisa 1) .

2.2 Materjal ja metoodika

2.2.1 Valimi kirjeldamine

Uurimuses kasutatud materjali koguti alates 2019 aasta novembrist kuni 2020 aasta suveni. Projektis kasutatavad proovid on kogutud vabatahtliku üleskutse alusel. Enne välitöid koostati detailsed protokollid proovide kogumiseks, vältimaks proovivõtumetoodikate erinevusest tulenevaid erisusi. Proovialade veekogudele otsiti troofsuse ja VRD tüübi kohta informatsiooni Tamre (2006) ja Järvekülg (2001) raamatutest ning Eesti Looduse Infosüsteemi infolehelt.

2.2.2 Molekulaarsed meetodid

Kogutud proove hoiustati *falcon* tüüpi tuubides vastavalt protokollile -30 °C juures etanoolis. Etanool lisati proovidele koheselt peale proovivõttu proovide säilitamise eesmärgil. Enne DNA eraldust kuivatati setteproovid 35 °C juures, et aurustada proovidest etanooli jäägid ja vesi, mis võivad DNA eraldamist ja edasisi protsesse inhibeerida. Seejärel koguti materjal eraldi 2 ml suurustesse eppendorf tuubidesse, settematerjalile lisati kolm 2 mm diameetriga metallkuuli, materjal homogeniseeriti ning igast proovist kaaluti DNA eraldamiseks 0.25 g materjali. Proovidest eraldati DNA kasutades MagAttract PowerSoil DNA KF Kit (Qiagen, US) komplekti vastavalt tootjapoolsetele soovitustele. Pärast DNA eraldust amplifitseeriti PCR meetodiga ribosomaalse RNA operonis leitavad sisemised transkribeeritavad vahejärjestused (ITS) (*Internal Transcribed Spacers*). ITS regioonide amplifitseerimine on standardiks seente identifitseerimiseks (Op De Beeck jt, 2014). Pärisuunalise praimerina kasutati ITS9mun ning vastastassuunalise praimerina kasutati ITS4uni (praimerite järjestused on välja toodud lisa 2 all).

Iga proovi PCR reaktsiooni viidi läbi kahes korduses ning PCR reaktsiooni kogumaht oli 25 µl. Esimese etapi PCR koostise lahuses oli 1 µl DNAd, 5 µl PCR segu (FirePol Mastermix, Solis BioDyne, Eesti), 0,5 µl nii pärisuunalist kui ka vastassuunalist praimerit ning 18 µl deioniseeritud vett. PCR programm koosnes järgnevatest etappidest: denaturatsioon 15 min 95 °C juures, millele järgnes 30-38 tsüklit järgnevaid etappe: 30 s denaturatsiooni 95 °C juures, 30 s praimerite seondamist 55 °C juures, 1 min ekstensioonetappi 72 °C. Programm lõppes 10 min ekstensioonetapiga 72 °C juures. Pärast PCR reaktsioonide teostamist kontrolliti tulemusi geelelektroforeesil, kasutades 1%-list agaroosgeeli, millele oli tulemuste visualiseerimiseks lisatud 1 µl etiidiumbromiidi. Geelelektroforees teostati 100 V pinge juures 25 minutiga. Saadud PCR produktides olevat DNAd visualiseeriti 280 nm ultra-violettvalgusega ning geelipildid salvestati. Nõrkade või puuduvate produktide puhul korrati PCR reaktsiooni, suurendades tsüklite arvu ja/või DNA kogust. DNA koguse suurendamisel vähendati reakstioonisegusse lisatava vee kogust, et säilitada reaktsiooni maht 25µl. PCR produktid pipeteeriti kokku üheks DNA-raamatukoguks vastavalt nende tugevusele geelpildil, kusjuures igast proovist võeti 1-10 µl produkti. Saadud raamatukogu puhastati *FavorPrep GEL/PCR Purification Kit* (Favorgen Biotech, Taiwan) komplektiga lähtudes tootja soovitatud protokollist. DNA-raamatukogu sekveneeriti AH Diagnostics (Rootsi) laboratooriumis, kasutades Pacific Biosciences´i (PacBio) sekveneerimistehnoloogiat.

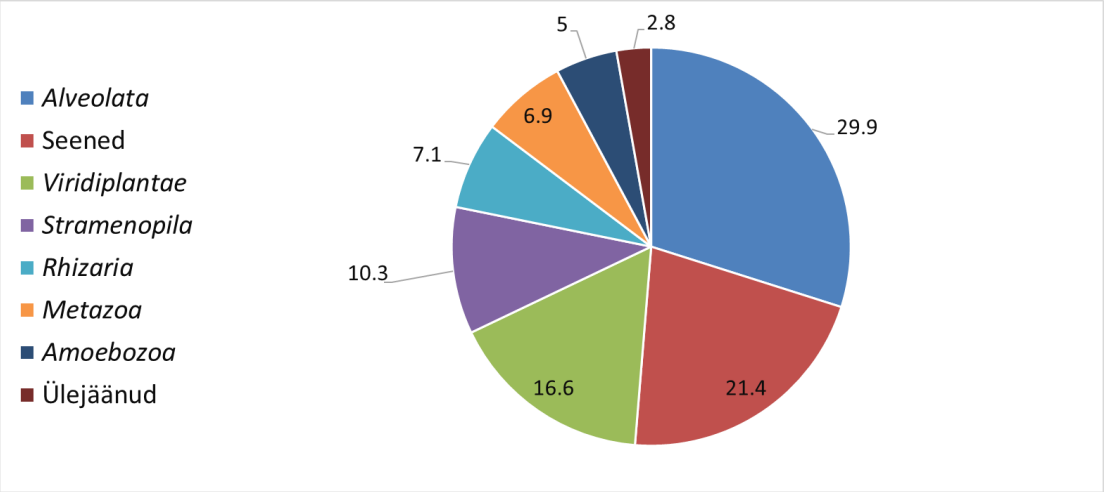
2.2.3 Andmeanalüüs

Sekveneerimistulemuste bioinformaatilise analüüsi teostas mükoloogia õppetooli teadur Vladimir Mikryukov. Bioinformaatiline analüüs sisaldas indeksjärjestuste järgi sekventside ja proovikoodide kokku viimist programmiga lima (Pacific Biosciences, USA), cutadaptiga (National Bioinformatics Infrastructure, Rootsi), praimerijärjestuste eemaldamist, kimäär-järjestuste eemaldamist ja järjestuste rühmitamist 98% sarnasusel OTU-deks, millele leiti sarnaseimad vasted kasutades BLASTn algoritme ja UNITE referentsandmebaasi (Tedersoo jt, 2021).

2.3 Tulemused ja arutelu

2.3.1 kõik proovid üldiselt

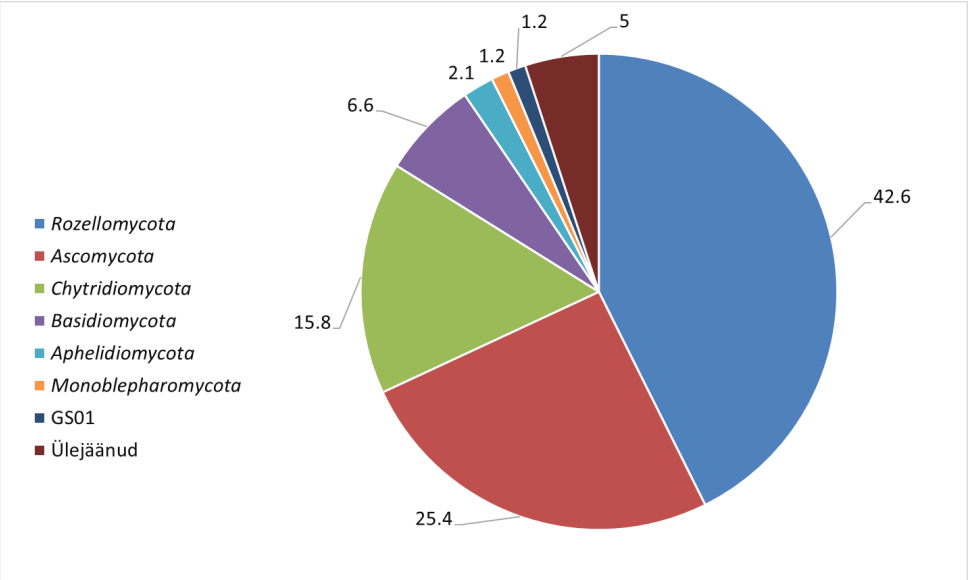
Analüüsitud 48 setteproovist õnnestus geneetilist materjali tuvastada 45 proovis. Nendest 29 olid korjatud seisuveekogudest, 10 vooluveekogudest ja 6 mereveekogudest. Kokku leiti 24746 OTU-t, millest seente omi oli 5297 (joonis 1).



Joonis 1. Kõikides setteproovides leiduvate riikide OTU-de osakaal protsentides. Sektori "ülejäänud" moodustavad riigid, mille OTU-de osakaal oli alla 1% kõikidest OTU-dest.

Kokku tuvastati 19 erinevat seente hõimkonda, 52 erinevat klassi, 131 erinevat seltsi, 246 sugukonda, 436 perekonda ja 339 liiki. Tabel kõikide esinenud liikide kohta on toodud lisas 3. Enim esindatud seente hõimkonnad kõikide proovide peale kokku olid *Rozellomycota* (teise nimega *Cryptomycota*) (2257 OTU-t), *Ascomycota* (1346 OTU-t), *Chytridiomycota* (857 OTU-t) ja *Basidiomycota* (348 OTU-t) (joonis 2). *Rozellomycota* suur osakaal ei ole kooskõlas selle töö teooriaosas kirjeldatud uurimistööde leidudega, aga sarnast nähtust on kirjeldatud Antarktika McMurdo jääjärvedes, kus *Rozellomycota* moodustas 44% OTU-dest (Rojas-Jimenez, 2017). *Ascomycota*, *Chytridiomycota* ja *Basidiomycota* levik kattub eelnevalt selles töös kirjeldatud uurimuste tulemustega (alapeatükid 1.3.2-1.3.3). Klassirikkaimad hõimkonnad olid *Ascomycota* (16 klassi), *Basidiomycota* (10 klassi) ja *Chytridiomycota* (8 klassi). Kuigi *Rozellomycota* alla kuulus 42,6% OTU-dest, polnud võimalik ühtegi selle alla kuuluvat klassi identifitseerida. Liigirikkaim selts oli *Basidiomycota* alla kuuluv *Agaricales* 43

erineva liigiga. *Agaricales* seente iselomuulikuks tunnuseks on seenekübara all olevad eoslehekesed (Kalichman jt, 2020). Teine liigirikkaim selts oli *Helotiales* (*Ascomycota*) 42 liigi-

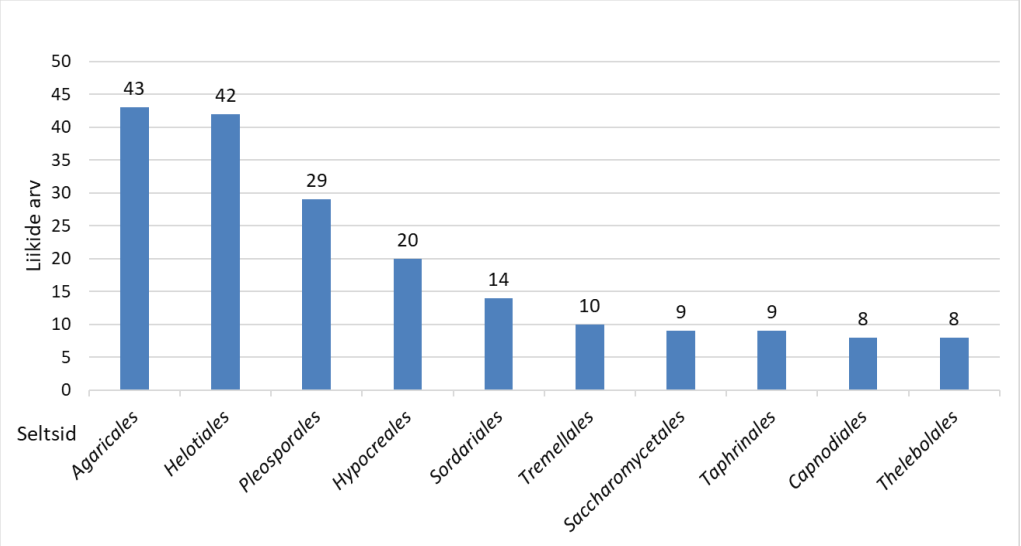


Joonis 2. Seente hõimkondade OTU-de jaotus kõikides setteproovides protsentides. Sektori "Ülejäänud" moodustavad hõimkonnad, mille OTU-d moodustasid alla 1% kõikidest hõimkondade OTU-dest.

ga. *Heliotales* seltsi tunneb ära nende viljakehade, milleks on jalaga liuakujulised kübarad, järgi ning mitmed liigid on looma- ja taimepatogeenid (Watkinson jt, 2016). Kolmas liigirikkaim selts oli *Pleosporales* (*Ascomycota*) 29 erineva liigiga. Enamasti moodustub *Pleosporales* isenditel iseloomulik eoskott kolvikujulise pseudoteetsiumi näol (Mugambi & Huhndorf, 2009). Eelmainitud ja ülejäänud liigirikkaimad seltsid on välja toodud joonisel 3.

Enim erinevates veekogudes esinev liik oli *Zygophlyctis asterionellae*, mida leidus 11 erinevas veekogus (1 meri, 8 järve, 2 tiiki), milleks olid: Liivilaht, Palojärv, Mooste järv, Kääriku järv, Harku järv, Kaali järv, Haage järv, Akste järv, Löwenruh pargi tiik, tiik Ilmatsalus ja Elistvere järv. VRD süstemaatika järgi olid kuus järve keskmise karedusega kihistumata järved ning üks järv oli pehme- ja tumedaveeline järv. Teiste veekogude puhul on VRD süstemaatika tüüp teadmata. 4 järve olid makrofüüdi järved, millest 2 olid hüpertroofsed ning üks oli atsidotroofne. Teiste veekogude puhul on troofsus teadmata. Enim kordi esinesid selle liigi OTU-d atsidotroofses ning pehme- ja tumedaveelises Akste järves, kust liiki leiti 20 korda

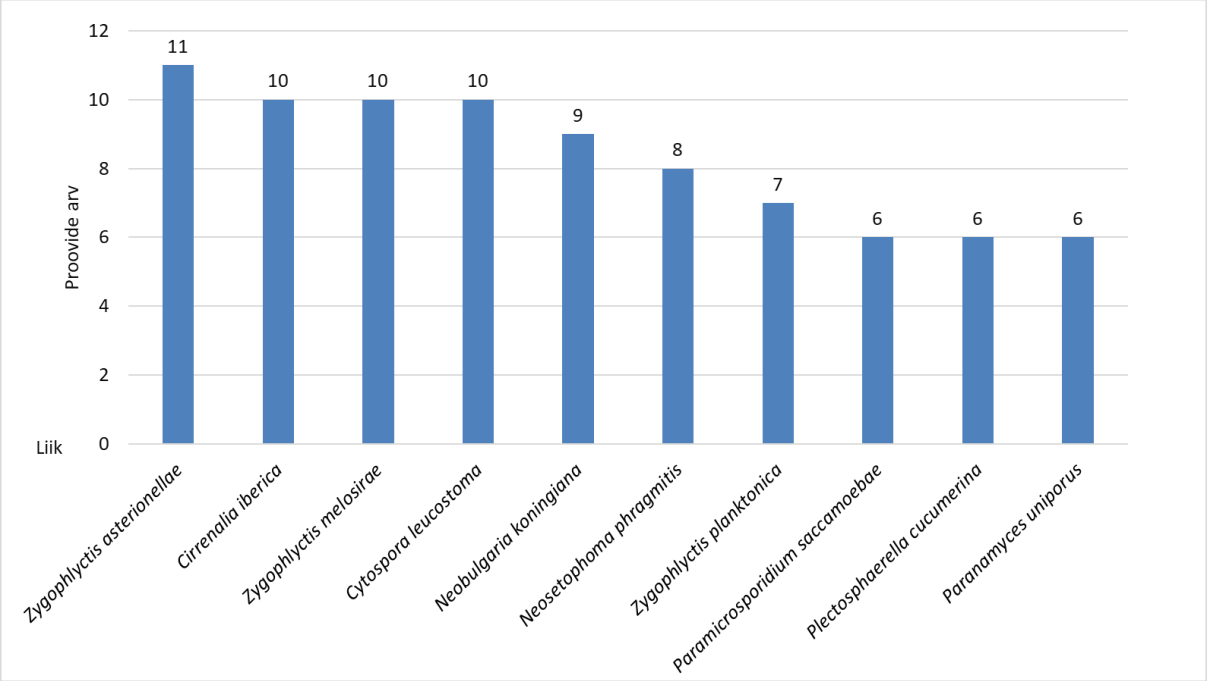
(20,1% esinemiskordadest). *Cirrenalia iberica*, *Zygophlyctis melosirae* ja *Cytospora leucostoma* tuvastati 10 erinevast veekogust. *Cirrenalia iberica* esines järgnevates veekogudes: Saula siniallikad, Tambre järv, Pirita jõgi, Luke Vanajärv, Kääriku järv, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Haage jõgi, Löwenruh pargi tiik ja Elistvere järv. Kaks järve olid keskmise kare-



Joonis 3. 10 liigirikkaimat seeneseltsi kõikide veekogude peale koos esinenud liikide arvuga.

dusega kihistumata makrofüüdi järved, 2 jõge olid mesotroofsed ning üks jõgi oli eutroofne. Teiste veekogude puhul on troofus ja VRD tüüp teadmata. Enim kordi (155, 79,7% esinemiskordadest) esinesid *Cirrenalia iberica* OTU-d Luke Vanajärves. *Zygophlyctis melosirae* esines üheksas seisuveekogus (8 järve, 1 tiik) ja ühes ojas (Ülemiste järv, Rätsepa järv, Luke Vanajärv, Kääriku järv, Kaali järv, Haage järv, Akste järv, Elistvere järv, Löwenruh pargi tiik, Pärka oja). 38,5% *Zygophlyctis melosirae* esinemiskordadest olid kolmes keskmise karedusega kihistumata makrofüüdi järvedes (Rätsepa järv, Kaali järv, Elistvere järv). *Cytospora leucostoma* esines kuues vooluvekogus ja neljas seisuveekogus: Pääsküla parditiigis, Pirita jões, Võhandu jões, Kaali järves, Tatra jões, Emajões, Hatiku ojas, Elistvere järves, Kunda jões ja Jaaniraotu talu kalatiik. Liik esines kahes makrofüüdi järves, kahes mesotroofses jões ja ühes eutroofses järves. *Zygophlyctis asterionellae* ja *Zygophlyctis melosirae* on ränivetikatete parasiidid (Voigt, jt 2021). *Cirrenalia iberica* kohta täpsemat infot ei leidu, kuid tegemist on *Halosphaeriaceae* perekonna liigiga. *Halosphaeriaceae* liigid on enamasti veeseened ning neid iseloomustavad askoomid, mis lagunevad küpsuseni jõudes,

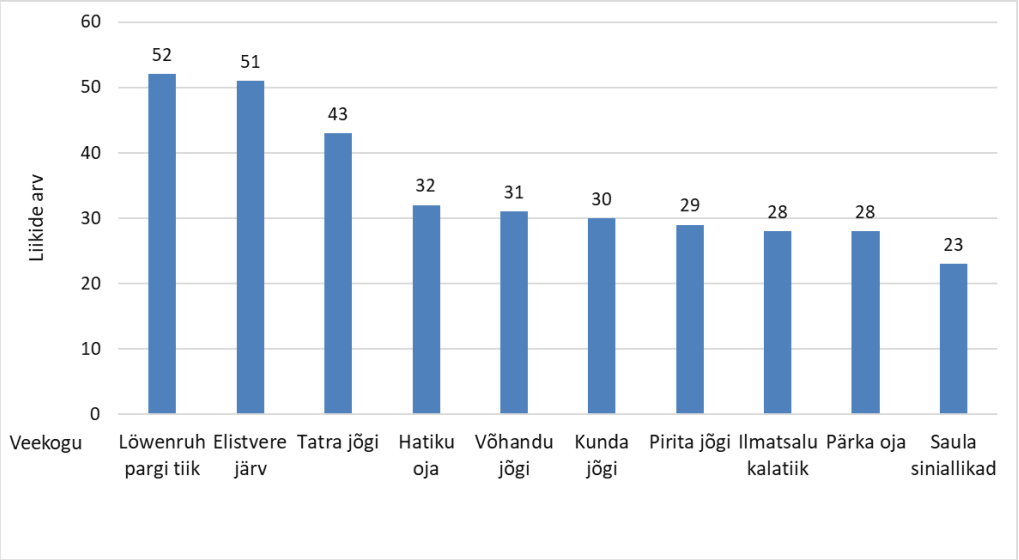
mille tagajärjel askospoorid liikuvad periteetsiumisse, kust seejärel need väljuvad ümbritsevasse keskkonda (Malloch, nd). *Cytospora leucostoma* on taimede, peamiselt luuviljaliste puude patogeen, mis põhjustab nakatunud puudel kudede surma (Biggs & Grove, 2005). 10 enim erinevates veekogudes esinenud liiki on välja toodud joonisel 4. Sekventside arvult enim esinenud liik oli *Orphella haysii* (1123 sekventsi), kuid liik esines ainult ühes veekogus (Soodevahe raba). Teisel kohal oli *Acrostalagmus luteoalbus* (745 sekventsi, kolmes veekogus: Pangodi järv, Harku järv, Klooga järv) ja kolmandal *Ascobolus foliicola* (426 sekventsi, neljas veekogus: Ulge paadikanal Võrtsjärvel, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Löwenruh pargi tiik).



Joonis 4. 10 seeneliiki, mis esinesid enim erinevates veekogudes kõikide proovide peale, koos veekogude arvudega, mis näitavad, mitmes veekogus liik esines.

Liigirikkaim veekogu oli Löwenruh pargis olev tiik, kust tuvastati 52 erinevat liiki. Tegemist on Tallinnas Kristiine linnaosas oleva maastikukaitsealaga (Kaitsealuste parkide kaitse-eeskiri, 2000). Löwenruh pargis olevad tiigid on allikalise toitumisega (Kink & Hääl, 2006). Teine liigirikkaim veekogu oli Elistvere järv 51 liigiga. Elistvere järv asetseb Vooremaa kaitsealal (EELIS infoleht, n.d). Tegemist on eutroofse keskmise karedusega kihistumata makrofüüdi

järvega. Tatra jõgi oli 43 liigiga kolmas. Tatra jõgi on mesotroofne heledaveeline ja vähese orgaanilise aine sisaldusega jõgi. Eelmainitud veekogud ja ülejäänud 7 liigirikkaimat veekogu on välja toodud joonisel 5. Ühtegi OTU-t ei leitud Kihnu madala, Paadrema jõe ja Aru-Lõuna lubjakivikarjääri setetest ning neid tulemusi edasistes analüüsides ei arvestata. See tulemus ei tähenda, et nendes veekogudes ei leidu ühtegi organismi, vaid viitab pigem proovides olevatele PCR reaktsiooni või DNA eralduse inhibiitoritele.



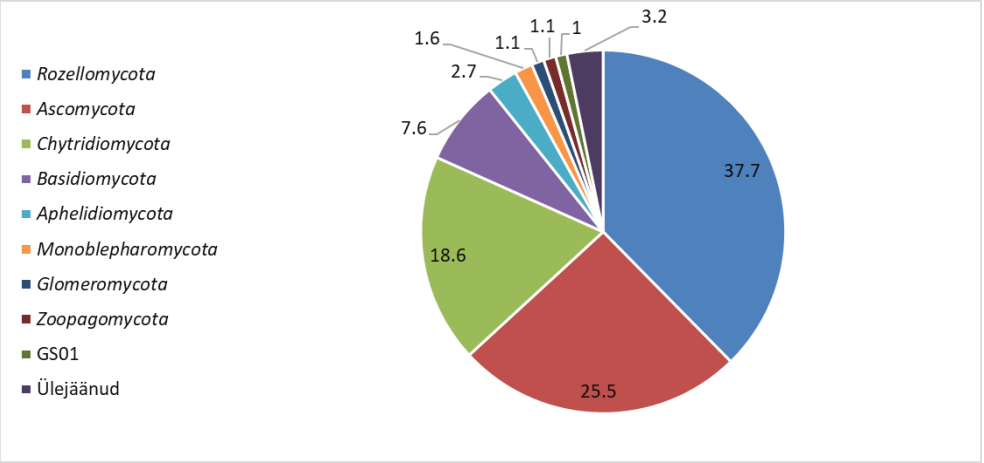
Joonis 5. 10 liigirikkaimat veekogu kõikide proovide lõikes koos seeneliikide arvudega. Löwenruh pargi tiik (troofsus teadmata), Elistvere järv (makrofüüdi järv), Tatra jõgi (mesotroofne), Hatiku oja, Võhandu jõgi (eutroofne), Kunda jõgi (mesotroofne), Pirita jõgi (eutroofne), Ilmatsalu kalatiik, Pärka oja (troofsus teadmata), Saula siniallikad.

Lõuna-Eesti ja Põhja-Eesti tulemuste võrdlemiseks jäeti Põhja-Eesti veekogudest mereveekogud välja, et tagada võrreldatavad tulemused. Lääne-Eestit võrdlusesse ei toodud, sest Lääne-Eestist oli korjatud vaid 6 proovi, millest 3 olid mereveeproovid. Võrdlusesse jäi 14 Põhja-Eesti veekogu (10 seisuveekogu, 4 vooluveekogu) ja 15 Lõuna-Eesti veekogu (9 seisuveekogu, 6 vooluveekogu). Põhja-Eesti veekogudest leiti 167 liiki ja Lõuna-Eesti omadest 196 liiki ning kattuvaid liike oli 53 (ühised liigid välja toodud lisa 4 all). Keskmine liikide arv ühe veekogu kohta oli Põhja-Eestis 12 ja Lõuna-Eestis 13. Põhja-Eesti seisuveekogudest leiti 106 liiki ja vooluveekogudest 75 liiki. Lõuna-Eesti puhul leiti seisuveekogudest 102 liiki ja vooluveekogudest 118 liiki. Keskmine liikide arv ühes veekogus oli Põhja-Eesti

seisuveekogudes 11 ja vooluveekogudes 19 liiki, Lõuna-Eesti seisuveekogudes 11 ning vooluveekogudes 20 liiki, seega märkimisväärseid erinevusi liikide arvukuses Põhja- ja Lõuna-Eesti vahel ei esinenud.

2.3.2 seisuveekogud

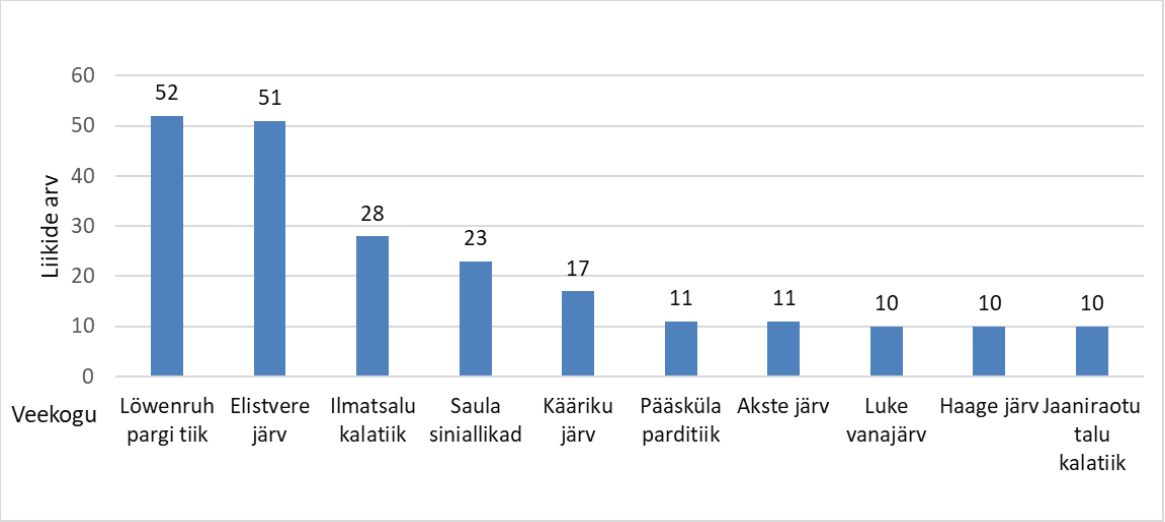
Geneetilise materjali analüüs oli edukas 29 seisuveekogu puhul: 22 järve, 4 tiiki, 2 laugast ja 1 allikas. Järvedest 17 olid looduslikud järved, 3 olid tehisjärved ja 2 olid paisjärved. Kokku leiti 3225 seeneriigi OTU-t seisuveekogudes. *Rozellomycota* hõimkonna OTU-d olid enim esindatud (37,7%), *Ascomycota* moodustas 25,5%, *Chytridiomycota* 18,6%, *Basidiomycota* 7,6% ja *Aphelidiomycota* 2,7% kõikidest OTU-dest (joonis 6). *Rozellomycota* suur osakaal on



Joonis 6. Seente hõimkondade OTU-de protsentuaalne jaotus seisuveekogudes. Sektori "Ülejäänud" moodustavad hõimkonnad, mille OTU-d moodustasid alla 1% kõikidest hõimkondade OTU-dest.

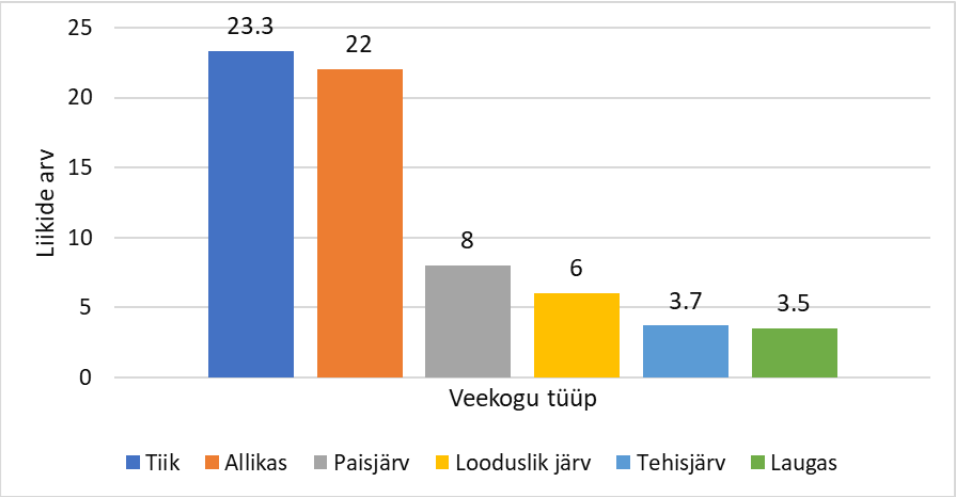
kooskõlas Rojas-Jimenez (2017) uurimusega ja sellele järgneva *Ascomycota* märkimisväärne osakaal oli nähtav ka Saksamaal olevas Stelchini järves (Wurzbacher jt, 2016). Seisuveekogudes tuvastati 18 erinevat hõimkonda, 44 klassi, 111 seltsi, 194 sugukonda ja 210 liiki. Liigirikkaim selts oli *Pleosporales* 15 erineva liigiga, millele järgnesid *Taphrinales* (*Ascomycota*) ja *Tremellales* (*Basidiomycota*) 8 liigiga. *Taphrinales* seltsi kuuluvad mitmed mikroseentest taimekahjurid (Callan & Carris, 2004). Selle seltsi liigid esinesid ainult ühes veekogus: Löwenruh pargi tiigis. Mõningad *Tremellales* liigid on selgrootute seedesüsteemide sümbiondid, kuid leidub ka mükoparasiite (Watkinson jt, 2016).

Kolm enim erinevates veekogudes esinevat liiki olid *Zygophlyctis asterionellae* (10 veekogu), *Zygophlyctis melosirae* (9 veekogu), Cirrenalia iberica (7 veekogu). Need liigid on vastavuses eelmises alapeatükis välja toodud enim erinevates veekogudes välja toodud liikidega. Liigirikkaim veekogu seisuveekogude seas oli Löwenruh pargi tiik, millele järgnesid Elistvere järv ja Ilmatsalu kalatiik (28 liiki). 10 liigirikkamat liiki on välja toodud joonisel 7. Kaks liigivaesemat veekogu olid Pangodi järv ja Rätsepa järv - mõlemas esines vaid 1 seeneliik, milleks olid *Acrostalagmus luteoalbus* Pangodi järves ja *Zygophlyctis melosirae* Rätsepa järves.



Joonis 7. 10 seisuveekogu, kust tuvastati enim seeneliike, koos leitud liikide arvuga. Kõik 4 analüüsitud tiiki on esitatud 10 liigirikkaima seisuveekogu seas.

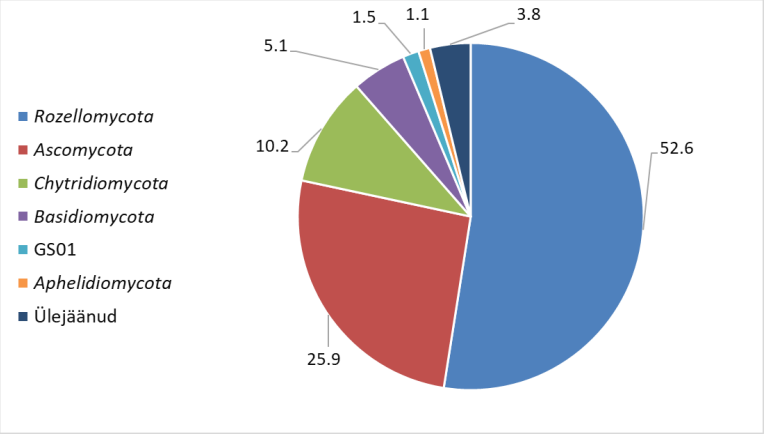
Looduslikes järvedes leidus 102 erinevat liiki seeni, tehisjärvedes esines 11 erinevat liiki, kusjuures iga liik oli tuvastatav vaid ühes tehisjärves, laugastes esines 7 erinevat liiki, mis erinevate laugaste vahel ei kattunud, kahes paisjärves esines 16 liiki, millest ainult 1, *Cirrenalia iberica* oli leitav mõlemas paisjärves, tiikides esines 93 erinevat liiki ja ainsast allikast (Saule siniallikad) leiti 22 liiki. Liigid, mis esinesid veekogutüüpide lõikes ainult ühes veekogus tüübi kohta, võis olla tingitud väiksest valimist (tehisjärved n=3, laukad n=2, paisjärved n=2). Keskmine liikide arv veekogus oli kõrgeim tiikides (23,3 liiki) ja madalaim laugastes (3,5) (joonis 8).



Joonis 8. Joonisel on näidatud 6 seisuveekogu tüübi keskmine seeneliikide arv ühes veekogus. Kuigi enim proove oli korjatud looduslikest järvedest, oli suhtearv kõige kõrgem tiikide puhul.

2.3.3 vooluveekogud

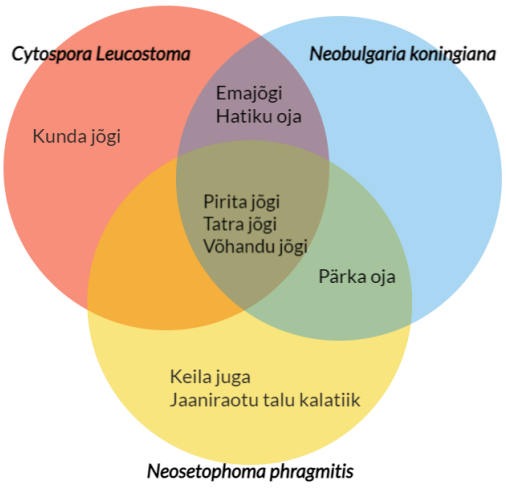
Vooluveekogudest analüüsiti 10 erineva veekogu (8 jõge, 2 oja) tulemusi. Kokku leiti 2370 seeneriigi OTU-t ja 17 erinevat hõimkonda, 58 klassi, 104 seltsi, 174 sugukonda ning 166 liiki. Kõikidest OTU-dest moodustas *Rozellomycota* 52,6%, *Ascomycota* 25,9%, *Chytridiomycota* 10,2% ja *Basidiomycota* 5,1% (joonis 9).



Joonis 9. Seente hõimkondade OTU-de jaotus vooluveekogudes protsentides. Sektor "ülejäänud" moodustavad hõimkonnad, mille OTU-d moodustasid alla 1% kõikidest hõimkondade OTU-dest.

Liigirikkaim selts oli *Helotiales* (*Ascomycota*) (18 liiki), millele järgnesid *Pleosporales* 17 ja *Agaricales* 8 liigiga. Enimlevinud liigid olid *Cytospora Leucostoma*, *Neobulgaria koningiana* ja *Neosetophoma phragmitis*, mida leidus kuues veekogus.

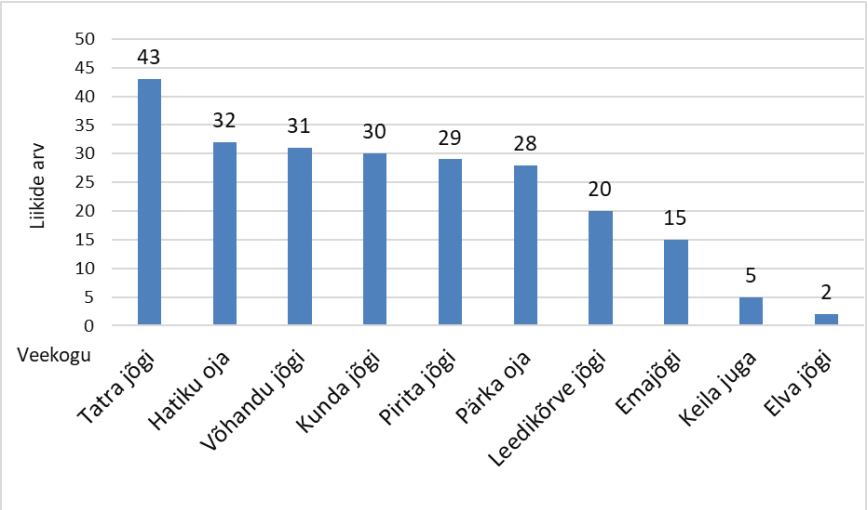
Kõik kolm liiki olid tuvastavad Pirita jões, Tatra jões ja Võhandu jões. *Neobulgaria koningiana* ja *Neosetophoma phragmitis* esinesid mõlemad Pärka ojas. *Cytospora leucostoma* ja *Neobulgaria koningiana* ühised veekogud olid Emajõgi ja Hatiku oja. Lisaks esines *Cytospora leucostoma Kundajões ja Neosetophoma phragmitis* Keila joas ning Jaaniraotu talu kalatiigis (joonis 10). *Cytospora Leucostoma* esines kõige rohkem Hatiku ojas (21 sekventsi, 45,7% sekventside koguarvust) ja Emajões (14 sekventsi, 30% sekventside koguarvust). *Neobulgaria koningiana* esines enim Hatiku ojas (84 sekventsi, 61,8% sekventside koguarvust). *Neosetophoma phragmitis* tuvastati enim kordi Tatra jões (26 sekventsi, 37,1% sekventside koguarvust) ja Võhandu jões (16 sekventsi, sekventside koguarvust).



Joonis 10. Venn diagramm, millel on välja toodud vooluveekogud, kust leiti seeneliigid *Cytospora Leucostoma*, *Neobulgaria koningiana* ja *Neosetophoma phragmitis* ning millistes vooluveekogudes liikide esinemine ühtis. Diagramm on koostatud leheküljel visme.co.

Tatra jõgi oli kõige liigirikkam uuritud vooluveekogudest. Tegemist on heledaveelise ja vähese orgaanilise sisaldusega mesotroofse veega. Sellele järgnes Hatiku oja, mis on tumedaveeline

ja humiinaineterikas oja, ning eutroofne Võhandu jõgi. Liigivaeseimad olid eutroofne Elva jõgi ja hüpotroofne Keila juga (joonis 11).



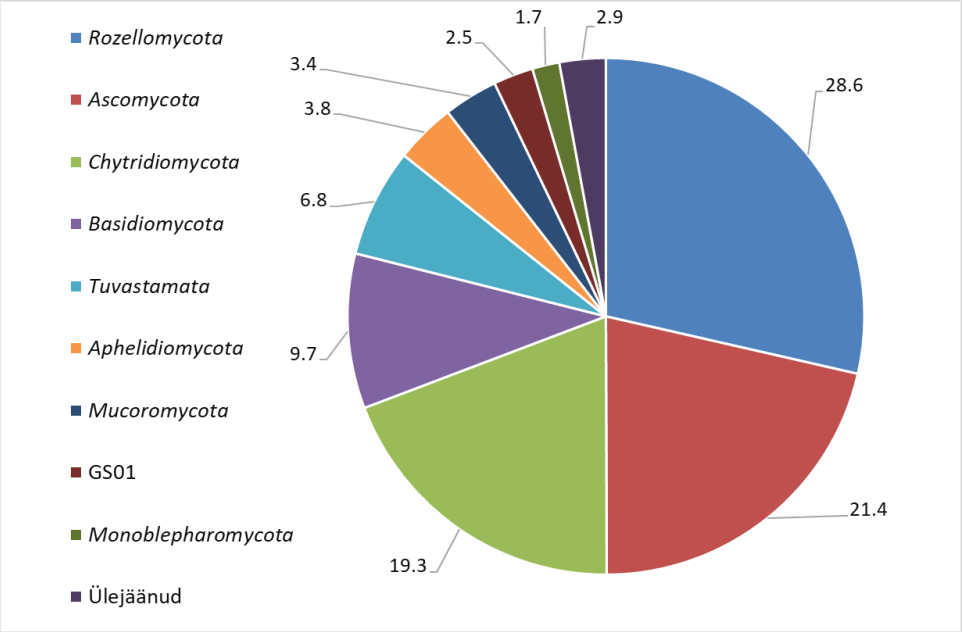
Joonis 11. Seeneliikide arv kõikides uuritud vooluveekogudes koos liikide arvuga. Tatra jõgi (mesotroofne), Hatiku oja, Võhandu jõgi (eutroofne), Kunda jõgi (mesotroofne), Pirita jõgi (eutroofne), Pärka oja, Leedikõrve jõgi (eutroofne), Emajõgi, Keila juga, Elva jõgi.

2.3.4 merevekogud

7 analüüsitud mereveeproovist leiti geneetilist materjali 6 proovis: Pärnu laht (täpsemalt Tõstamaa maastikukaitseala piirkond), Tallinna laht (Paljassaare hoiuala), Õunaku laht, Puhtulaiu rand (Puhtu-Laelatu looduskaitseala), Kunda laht ja Pakri laht. Kokku leiti 237 seeneriigi OTU-t. Veekogudest tuvastati 11 erinevad hõimkonda, 21 klassi, 32 seltsi, 39 perekonda ja 24 liiki. Sarnaselt voolu- ja seisuveekogudele moodustasid *Rozellomycota* OTU-d suure osa merevee proovidest leitud OTU-dest, kuid ülejäänud suurima osakaaluga hõimkonnad on sarnased Tibell jt (2020) uurimuse leidudele. Hõimkondade protsentuaalne jaotus on välja toodud joonisel 12.

Seltse, mille liike oli võimalik tuvastada, oli 18, millest 13 seltsil oli esindatud vaid üks liik. Liigirikkaim selts oli *Pleosporales* (3 liiki), seltsidel *Mucorales*, *Rhizophydiales*, *Saccharomycetales* ja *Zygophlyctidales* oli esindatud 2 liiki. Kõik liigid esinesid kuue veekoogu peale ainult ühes veekogus va *Ceriosporopsis halima*, mis esines kahes: Tallinna lahes ja

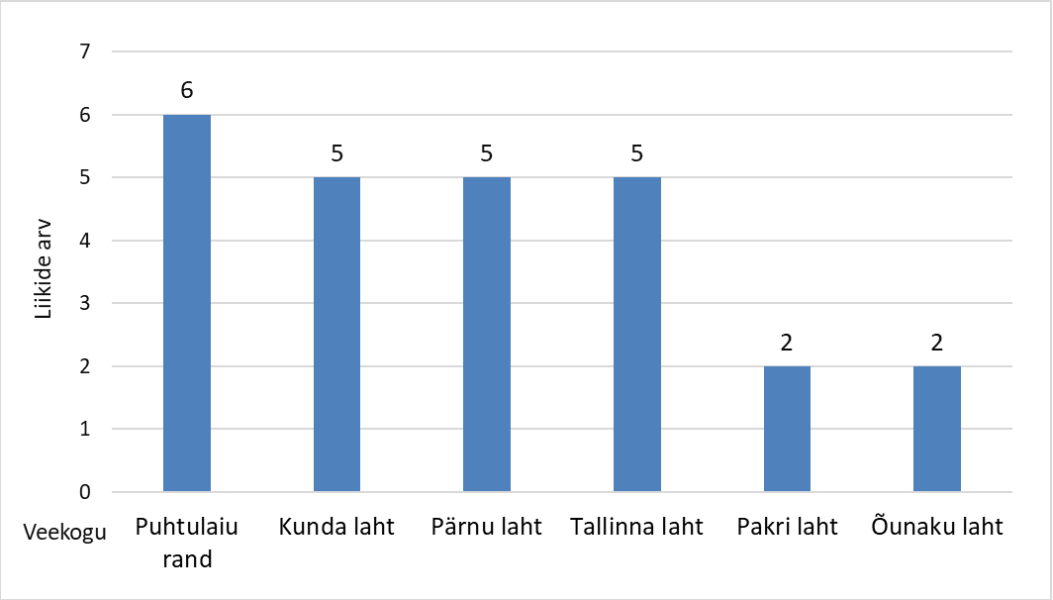
Puhtulaiu rannas. Teised liigid olid: *Alternaria chlamydosporigena*, *Aspergillus gracilis*, *Cladosporium colocasiae*, *Comoclathris spartii*, *Cyberlindnera jadinii*, *Dinomyces arenysensis*,



Joonis 12 Seente hõimkondade OTU-de jaotus mereveekogudes. Tuvastamata hõimkondade puhul on tegemist seeneriigi OTU-dega, kuid pole kindel, milline on täpsem klassifikatsioon. Sektori "ülejäänud" moodustavad hõimkonnad, mille OTU-d moodustasid alla 1% kõikidest hõimkondade OTU-dest.

Halomyces littoreus, *Hypholoma capnoides*, *Malassezia restricta*, *Metschnikowia bicuspidata*, *Mucor circinelloides*, *Nowakowskiella elegans*, *Paraconiothyrium cyclothyrioides*, *Placidium michelii*, *Rhizopus americanus*, *Romjularia lurida*, *Sistotrema oblongisporum*, *Sporobolomyces roseus*, *Suillus bovinus*, *Trichoderma harzianum*, *Ustilago striiformis*, *Zygophlyctis asterionellae* ja *Zygophlyctis planktonica*.

Liikide arvukus veekogude vahel suuresti ei erinenud: ühes veekogus oli 6 liiki, kolmes veekogus oli 5 liiki ja kahes veekogus oli 2 liiki (joonis 13).



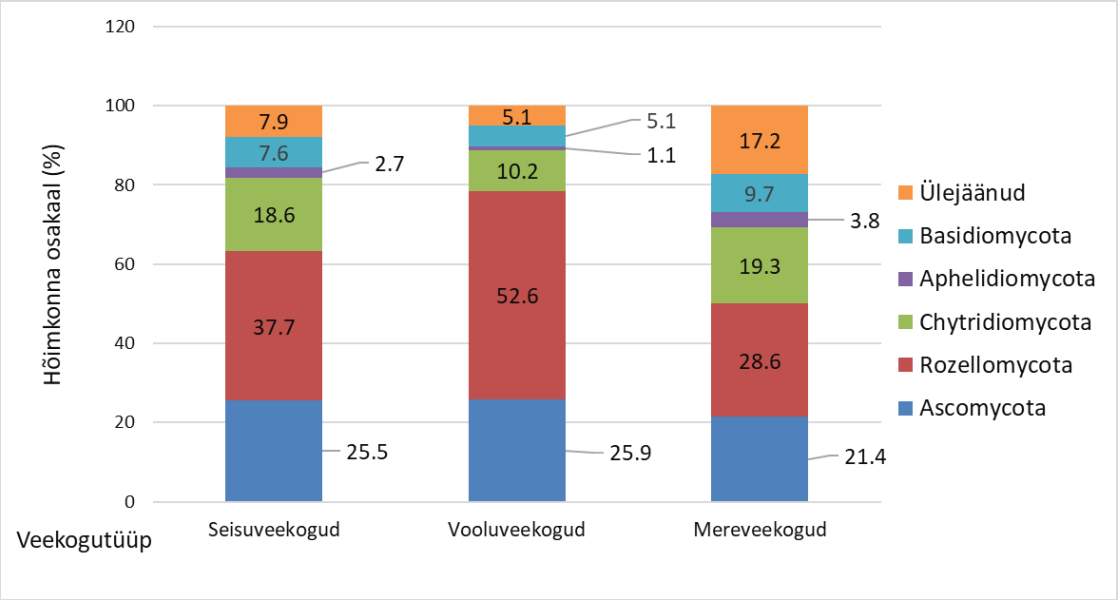
Joonis 13. Kõik mereveekogud ja nendest leitud seeneliikide arvud.

2.3.5 seisu-, voolu- ja mereveekogude võrdlus

Seente OTU-sid kõikides veekogudes oli kokku 5297. Keskmine OTU-de arv proovi kohta kõikide proovide peale oli 118, seisuveekogudes 111, vooluveekogudes 237 ja mereveekogudes 39. Keskmine liikide arv kõike proovide peale oli 7. Keskmine liikide arv proovi kohta oli kõrgeim vooluveekogudes (17), seisuveekogudes (7) ja mereveekogudes (4) oli liikide keskmine arv märgatavalt väiksem. Hõimkondade jagunemise vahel oli kolme veekoogutüübi vahel märgatavaid erinevusi: *Rozellomycota* OTU-d moodustasid 52,6% vooluveekogudes, 37,7% seisuveekogudes ja 28,6% merevee kogudes. Vooluveekogudes on suurenenud selle hõimkonna osakaal *Chytridiomycota* hõimkonna arvelt: *Chytridiomycota* moodustas vooluveekogudes 10,2%, aga seisuveekogudes 18,6% ja mereveekogudes 19,3%. Mereveekogusid iseloomustas väiksema osakaaluga hõimkondade suurem levik võrreldes seisu- ja vooluveekogudega (joonis 14).

Liigirikkaimatest seltsidest kattus kolme veekogutüübi vahel vaid *Pleosporales*, teised liigirikkaimad seltsid olid kõikides tüüpides erinevad: seisuveekogudes *Taphrinales* ja

Tremellales, vooluveekogudes *Agaricales* ja *Helotiales* ning mereveekogudes *Mucorales, Rhizophydiales, Saccharomycetales* ja *Zygophlyctidales.*



Joonis 14. 5 suurima osakaaluga hõimkondade OTU-de protsentuaalne jaotus seisu-, voolu- ja mereveekogudes.

Liigid, mis esinesid kõigis kolmes erinevas veekogutüübis olid *Paraconiothyrium cyclothyrioides* ja *Zygophlyctis planktonica*. Jättes välja kõigis kolmes erinevas veekogutüübis esinevat liiki, oli seisu- ja mereveekogude puhul 6 kattuvat liiki: *Cladosporium colocasiae*, *Malassezia restricta*, *Mucor circinelloides*, *Nowakowskiella elegans*, *Sporobolomyces roseus* ja *Zygophlyctis asterionellae*. Voolu- ja mereveekogudel oli 2 kattuvat liiki: *Apodus oryzae* ja *Ascobolus foliicola*. Seisu- ja vooluveekogude vahel oli 53 kattuvat liiki (lisa 5).

Varasemalt ei ole koostatud uurimistöid, mis võrdleksid ühe riigi erinevat tüüpi veekogudes olevate seente levikut, seega ei ole võimalik öelda, kas need erinevused on kooskõlas varasemate tulemustega. Täpsemaks võrdluseks on vaja andmeid ka statistiliste meetoditega analüüsida (liigirikkuse analüüsimiseks ANOVA, liikide jaoks Fisheri täpne test ning koosluste jaoks multivariaatne analüüs PERMANOVA), kus võetakse arvesse proovides olevate DNA järjestuste arvu.

Kokkuvõte

Kuigi veeseened on olulise tähtsusega, on nende levikut siiani vähe uuritud. Käesoleva uurimistöö eesmärgiks oli uurida veeseente levikut Eesti veekogude setetes. Töö on koostatud EMÜ PKI Hüdrobioloogia ja kalanduse õppetooli ja TÜ mükoloogia koostööprojekti *FunAqua* raames. Setteproovid korjati vabatahtliku üleskutse raames ja 48 erinevast veekogust üle Eesti. DNA eraldati kasutades DNA Qiagen MagAttract PowerSoil DNA KF Kit komplekti tootja protokolli järgi. Sekveneerimise käigus tuvastati 19 erinevat seente hõimkonda, 52 erinevat klassi, 131 erinevat seltsi, 246 sugukonda, 436 perekonda ja 339 liiki. Suurima osakaaluga oli hõimkonnad olid *Rozellomycota* (2257 OTU-t), *Ascomycota* (1346 OTU-t), *Chytridiomycota* (857 OTU-t) ja *Basidiomycota* (348 OTU-t). Enim erinevates veekogudes esinenud liigid olid *Zygophlyctis asterionellae* (11 veekogu), *Cirrenalia iberica* (10 veekogu), *Cytospora leucostoma* (10 veekogu) ja *Zygophlyctis melosirae* (10 veekogu). Liigirikkaimad veekogud olid Löwenruh pargi tiik (52 liiki), Elistvere järv (51 liiki), Tatra jõgi (43 liiki), Hatiku oja (32 liiki), Võhandu jõgi (31 liiki), Kunda jõgi (30 liiki), Pirita jõgi (29 liiki), Ilmatsalu kalatiik (28 liiki), Pärka oja (28 liiki) ja Saula siniallikad (23 liiki). Keskmine liikide arv veekogus ei erinenud Põhja-Eesti ja Lõuna-Eesti seisu- ja vooluveekogude vahel. Kõrgeim keskmine liikide arv veekogude kohta oli vooluveekogudes (17 liiki) ja seisuveekogudes (7 liiki) ning mereveekogudes (4 liiki) oli keskmine liikide arv oluliselt väiksem. Oli vaid kaks liiki, mis kattusid kõigi kolme veekogutüübi vahel: P*araconiothyrium cyclothyrioides* ja *Zygophlyctis planktonica*. Seisu- ja mereveekogude puhul oli 6 kattuvat liiki, voolu- ja mereveekogudel 2 liiki ning seisu- ja vooluveekogudel 53 kattuvat liiki.

Aquatic fungi and their diversity in Estonian water sediments

Victoria Prins

Summary

The diversity of aquatic fungi has been relatively understudied, when compared to their terrestrial counterparts. Thus the aim of my Bachelor's thesis was to describe the diversity of aquatic fungi living in the sediments of Estonian waterbodies. This thesis is a part of a cooperation project between the Estonian University of Life Sciences (Chair of Hydrobiology and Fisheries) and Tartu University (Chair of mycology) entitled *FunAqua.* The sediment samples were gathered by volunteers from 48 water bodies in Estonia. DNA was extracted from the samples using the set DNA Qiagen MagAttract PowerSoil DNA KF Kit, following the manafacturer's protocol. 19 phyla, 52 classes, 131 orders, 246 families, 436 genera and 339 species were identified. The most common phyla were *Rozellomycota* (2257 OTUs), *Ascomycota* (1346 OTUs), *Chytridiomycota* (857 OTUs) and *Basidiomycota* (348 OTUs). The species which appeared the most in different water bodies were *Zygophlyctis asterionellae* (water bodies), *Cirrenalia iberica* (10 water bodies), *Cytospora leucostoma* (10 water bodies) ja *Zygophlyctis melosirae* (10 water bodies). The water bodies that had the highest species richness were Löwenruh park pond (52 species), Elistvere lake (51 species), Tatra river (43 species), Hatiku creek (32 species), Võhandu river (31 species), Kunda river (30 species), Pirita river (29 species), Ilmatsalu fish pond (28 species), Pärka creek (28 species) ja Saula blue spring (23 species). The average number of species per water body did not differ between northern Estonian and southern Estonian lentic and lotic water bodies. The average number of species per waterbody for lotic waters was the highest at 17 species. For lentic waters the average number of species was 7 and for marine water it was the lowest at an average of 4 different species per waterbody. There were only two species that were common in all analysed watersystems — in marine waters, lentic waters and lotic waters: P*araconiothyrium cyclothyrioides* and *Zygophlyctis planktonica*. Lentic waters and marine waters shared 6, lotic and marine waters 2, lentic and lotic water 53 common species.

Tänusõnad

Soovin tänada enda juhendajat Kristel Panksepa ja kaasjuhendajat Leho Tedersood, selle eest, et nad aitasid koostada käesolevat tööd ja andsid mulle võimaluse töötada *FunAqua* projektiga, Rasmus Puuseppa, kelle õpetussõnad laboritöö jooksul olid hindamatult kasulikud, ning kõiki vabatahtlikke, kes proove korjasid. x

Kasutatud allikad

Abelho, M., Canhoto, C. (2020). The role of carbon, nitrogen, and phosphorus in leaf decomposition mediated by aquatic fungi. *Limnetica*, 39(1), lk 275–282.

Amend, A., Burgaud, G., Cunliffe, M., Edgcomb, V., P., Ettinger, C,. L., Gutiérrez, M., H., Heitman, J., Hom, E., F., Y., Ianiri, G., Jones, A.,C., Kagami, M., Picard, K., T., Quandt, C., A., Raghukumar, S., Riquelme, M., Stajich, J., Vargas-Muñiz, J., Walker, A., K., Yarden, O., & Gladfelter, A., S. (2019). Fungi in the Marine Environment: Open Questions and Unsolved Problems. *mBio*, 10 (02).

Bakhtiyar, Y., Arafat, M. Y., Andrabi, S., & Tak, H. I. (2020). Zooplankton: The Significant Ecosystem Service Provider in the Aquatic Environment. R. A. Bhat, K. R. Hakeem, & N. B. Saud Al-Saud (toimetajad), *Bioremediation and Biotechnology, Vol 3: Persistent and Recalcitrant Toxic Substance*s, lk 227- 244. Springer International Publishing.

Biggs, A., R., & Grove, G. (2006). Leucostoma canker of stone fruits. *Plant Health Instructor.*

Blackwell, M. (2011). The Fungi: 1, 2, 3 … 5.1 million species?. American Journal, 98(3), lk 426-438.

Bonfante, P., & Venice, F. (2020). Mucoromycota: Going to the roots of plant-interacting fungi. *Fungal Biology Reviews*, 34(2), lk 100–113.

Bongomin, F., Gago, S., Oladele, R., O., & Denning, D., W. (2017). Global and Multi-National Prevalence of Fungal Diseases—Estimate Precision. *MDPI Journal of fungi*, 3(4), lk 57.

Brandão, J., Gangeneux, J., P., Arikan-Akdagli, S., Barac, A., Bostanaru, A., C., Brito, S., & Segal, E. (2021). Mycosands: Fungal diversity and abundance in beach sand and recreational waters- Relevance to human health. *Science of The Total Environment*, lk 781.

Bubnova, E., & Konovalova, O. (2019). Fungi in Bottom Sediments of the Chukchi Sea. *Russian Journal of Marine Biology*, 45(2), lk 86-95,

Bueno, D., J., & Silva, J., O. (2014). FUNGI | The Fungal Hypha. *Encyclopedia of Food Microbiology (Second Edition)*, lk 11-19. London: Elsevier.

Callan, B. E., & Carris, L. M. (2004). 7—FUNGI ON LIVING PLANT SUBSTRATA, INCLUDING FRUITS. G. M. Mueller, G. F. Bills, & M. S. Foster (Toim), *Biodiversity of Fungi*, lk 105-126. Academic Press.

Claeson, S. M., LeRoy, C. J., Barry, J. R., & Kuehn, K. A. (2014). Impacts of invasive riparian knotweed on litter decomposition, aquatic fungi, and macroinvertebrates. *Biological Invasions*, 16(7), lk 1531–1544.

de Hoog, G. S., Vicente, V. A., Najafzadeh, M. J., Harrak, M. J., Badali, H., & Seyedmousavi, S. (2011). Waterborne Exophiala species causing disease in cold-blooded animals. *Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 27(1), lk 46–72.

Faten, A.-A. (2016). Freshwater fungi from the River Nile, Egypt. *Mycosphere*, 7 (5), 741–756.

Frenken, T., Wolinska, J., Tao, Y., Rohrlack, T., & Agha, R. (2020). Infection of filamentous phytoplankton by fungal parasites enhances herbivory in pelagic food webs. *Limnology and Oceanography*, 65(11), 2618–2626.

Godlewska, A., Kiziewicz, B., Muszyńska, E., & Milewski, R. (2013). Aquatic fungi and straminipilous organisms in lakes of the Augustowska Primeval Forest, Poland. *Oceanological and Hydrobiological Studies*, 23(2), lk 401-408.

Grossart, H.-P., & Rojas-Jimenez, K. (2016). Aquatic fungi: targeting the forgotten in microbial ecology. *Curr Opin Microbiol*, 31, lk 140-145.

Grossart, H.-P., Van den Wyngaert, S., Kagami, M., Wurzbacher, C., Cunliffe, M., & Rojas-Jimenez, K. (2019). Fungi in aquatic ecosystems. *Nature Reviews Microbiology*, 17(6), lk 339-354.

Grossart, H.-P., Wurzbacher, C., James, T., Y., & Kagami, M. (2015). Discovery of dark matter fungi in aquatic ecosystems demands a reappraisal of the phylogeny and ecology of zoosporic fungi. *Fungal Ecology*, 19, lk 28-38.

Gruninger, R. J., Puniya, A. K., Callaghan, T. M., Edwards, J. E., Youssef, N., Dagar, S. S., Fliegerova, K., Griffith, G. W., Forster, R., Tsang, A., McAllister, T., & Elshahed, M. S. (2014). Anaerobic fungi (phylum Neocallimastigomycota): Advances in understanding their

taxonomy, life cycle, ecology, role and biotechnological potential. *FEMS Microbiology Ecology*, 90(1), lk 1–17.

Hagestad, O., C., Andersen, J., H., Altermark, B., Hansen, E. & Rämä, T. (2020) Cultivable marine fungi from the Arctic Archipelago of Svalbard and their antibacterial activity. *Mycology*, 11(3), lk 230-242.

Hatai, K. (2012). Diseases of Fish and Shellfish Caused by Marine Fungi. *Progress in Molecular and Subcellular Biology*, 53, lk 15-52.

He, M.-Q., & Zhao, R.-L. (2021). Outline of Basidiomycota. *Encyclopedia of Mycology*, 1, lk 310-319.

He, M.-Q., Zhao, R.-L., Liu, D.-M., Denchev, T. T., Begerow, D., Yurkov, A., Kemler, M., Millanes, A. M., Wedin, M., McTaggart, A. R., Shivas, R. G., Buyck, B., Chen, J., Vizzini, A., Papp, V., Zmitrovich, I. V., Davoodian, N., & Hyde, K. D. (2022). Species diversity of Basidiomycota. *Fungal Diversity,* lk 1-45.

Iversen, M., Burton, C., M., Vand, S., Skovfoged, L., Carlsen, J., Milman, N., Andersen, C., B., Rasmussen, M., & Tvede, M. (2007). Aspergillus infection in lung transplant patients: incidence and prognosis. *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases*, 26, lk 879-886.

Jones, E. B. G., Hyde, K. D., & Pang, K.-L. (2014). Freshwater Fungi: And Fungal-like Organisms. *Walter de Gruyter GmbH & Co KG*. Saksamaa: Berliin.

Jones, E., B., G. (2011). Fifty years of marine mycology. *Fungal Diversity*, 50, lk 73.

Jones, M. D. M., Forn, I., Gadelha, C., Egan, M. J., Bass, D., Massana, R., & Richards, T. A. (2011). Discovery of novel intermediate forms redefines the fungal tree of life. *Nature*, 474(7350), lk 200–203.

Järvekülg, A. (2001). Eesti jõed. Tartu: Tartu Ülikooli Kirjastus.

Kalichman, J., Kirk, P. M., & Matheny, P. B. (2020b). A compendium of generic names of agarics and Agaricales. *TAXON*, 69(3), lk 425–447.

Kerr, J. L., Baldwin, D. S., Tobin, M. J., Puskar, L., Kappen, P., Rees, G. N., & Silvester, E. (2013). High Spatial Resolution Infrared Micro-Spectroscopy Reveals the Mechanism of Leaf Lignin Decomposition by Aquatic Fungi. PLOS ONE, 8(4), artikli nr e60857.

Keskkonnaagentuur. Eesti Looduse Infosüsteemi infoleht. https://infoleht.keskkonnainfo.ee/. Vaadatud 20.05.2022.

Khusnullina, A., I., Bilanenko ,E., N., & Kurakov, A., V. (2018). Microscopic Fungi of White Sea Sediments. *Contemporary Problems of Ecology*, 11, lk 503–513.

Kink, H., & Hääl, M.-L. (2006). Linna allikad Tallinnas. *Eesti loodus*, 2. http://vana.loodusajakiri.ee/eesti_loodus/artikkel1385_1376.html

Letcher, P. M., & Powell, M. J. (2019). A taxonomic summary of Aphelidiaceae. *IMA Fungus*, 10(1), 4.

Li, S., S., & Mody, C., H.. (2009). Cryptococcus. *Proceedings of the American Thoracic Society*, 7(3), lk 186-196.

Longcore, J., E., & Simmons, D., R. (2020). Chytridiomycota. *Encyclopedia of Life Sciences*. https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/9780470015902.a0000349.pub4

Malloch, D. (n.d). THE HALOSPHAERIACAE. *Natural history of fungi*. http://website.nbm-mnb.ca/mycologywebpages/NaturalHistoryOfFungi/Halosphaeriaceae.html. Vaadatud 16.05.2022.

Margulis, L., & Chapman, M., J. (2009). Chapter Four - KINGDOM FUNGI. Margulis, L. & Schwartz, K., V. (toimetajad) *Kingdoms and domains: An Illustrated Guide to the Phyla of Life on Earth, 4th edition*, lk 379-409. USA, Cambridge.

McClanahan, T.. (2004). Coral Bleaching, Diseases and Mortality in the Western Indian Ocean. *Coral Health and Disease*, lk 157-176.

Moore, D., Robson G., D., & Trinci , A. P. J. (2020). 21st Century Guidebook to Fungi - SECOND EDITION - Reviews and Contents, lk 45-49. Cambridge University Press.

Mugambi, G. K., & Huhndorf, S. M. (2009). Parallel evolution of hysterothecial ascomata in ascolocularous fungi (Asbutaries) in NE Poland.

Munchan, C., Kurata, O., Hatai, K., Hashiba, N., Nakaoka, N., & Kawakami, H. (2006). Mass mortality of young striped jack Pseudocaranx dentex caused by the fungus Ochroconis humicola. *Fish Pathology*, 41, lk 179–182.

Muszyńska, E., Kiziewicz, B., Godlewska, A., & Milewski, R. (2014). Fungi and Straminipilous Organisms Growing in the Narew River and its Chosen Tri). An assessment of natural product discovery from marine (sensu strictu) and marine-derived fungi. *Mycology*, 5(3), lk 145–167.

Op De Beeck, M., Lievens, B., Busschaert, P., Declerck, S., Vangronsveld, J., & Colpaert, J. V. (2014). Comparison and validation of some ITS primer pairs useful for fungal metabarcoding studies. PloS one, 9(6), artikli nr e97629.

Osemwegie, O. O., Oghenekaro, A. O., Dania, T. A., & Folorunsho, O. J. (2014). Preliminary study of aquatic fungi biodiversity of Rooro and Orisa rivers in Nigeria. *Journal of Aquatic Sciences*, 29(2), lk 423–438.

Overy, D. P., Bayman, P., Kerr, R. G., & Bills, G. F. (2014) Mycota, Fungi. *Systematics and Biodiversity*, 7(4), lk 453–464.

Padmini, K. C. T., Williams, B. C. & Murugan, M. (2013). Inventory and population study of fungi from the riverine drinking water. *International Journal of Pharma and Bio Sciences*, 4(3), lk 1119–1124.

Petty, D., P., & Francis-Floyd, R. (2015). Parasitic Diseases of Fish. *MSD manual, veterinary manual*.

https://www.msdvetmanual.com/exotic-and-laboratory-animals/aquarium-fishes/parasitic-diseases-of-fish. Vaadatud 15.04.2022.

Pietryczuk, A., Cudowski, A., Hauschild, T., Świsłocka, M., Więcko, A., & Karpowicz, M. (2018). Abundance and Species Diversity of Fungi in Rivers with Various Contaminations. *Current Microbiology*, 75(5), lk 630–638.

Pimentão, A. R., Pascoal, C., Castro, B. B., & Cássio, F. (2020). Fungistatic effect of agrochemical and pharmaceutical fungicides on non-target aquatic decomposers does not translate into decreased fungi- or invertebrate-mediated decomposition. *Science of The Total Environment*, lk 712.

Powell M.J. (2017) Blastocladiomycota. *Handbook of the Protists*, 1497-1521. Springer.

Richards, T. A., Leonard, G., Mahé, F., del Campo, J., Romac, S., Jones, M. D. M., Maguire, F., Dunthorn, M., De Vargas, C., Massana, R., & Chambouvet, A. (2015). Molecular diversity and distribution of marine fungi across 130 European environmental samples. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 282(1819), artikli nr 20152243.

Richards, T., A., Jones, M., D., M., & Leonard, G., Bass, D. (2012). Marine Fungi: Their Ecology and Molecular Diversity. *Annual Review of Marine Science*, 4, lk 495-552.

Roberts, C., Allen, R., Bird, K. E., & Cunliffe, M. (2020). Chytrid fungi shape bacterial communities on model particulate organic matter. *Biology letters*, 16(9), artikli nr 20200368.

Rojas-Jimenez, K., Rieck, A., Wurzbacher, C., Jürgens, K., Labrenz, M., & Grossart, H.-P. (2019). A Salinity Threshold Separating Fungal Communities in the Baltic Sea. F*rontiers in Microbiology*, 10, artikli nr 680.

Rojas-Jimenez, K., Wurzbacher, C., Bourne, E. C., Chiuchiolo, A., Priscu, J. C., & Grossart, H.-P. (2017). Early diverging lineages within Cryptomycota and Chytridiomycota dominate the fungal communities in ice-covered lakes of the McMurdo Dry Valleys, Antarctica. *Scientific Reports*, 7(1), artikli nr 15348.

Rypien, K., L. (2008). THE ORIGINS AND SPREAD OF ASPERGILLUS SYDOWII, AN OPPORTUNISTIC PATHOGEN OF CARIBBEAN GORGONIAN CORALS. Cornell University. USA, Ithaca.

Seena, S., Bärlocher, F., Sobral, O., Gessner, M. O., Dudgeon, D., McKie, B. G., Chauvet, E., Boyero, L., Ferreira, V., Frainer, A., Bruder, A., Matthaei, C. D., Fenoglio, S., Sridhar, K. R., Albariño, R. J., Douglas, M. M., Encalada, A. C., Garcia, E., Ghate, S. D., … Graça, M. A. S.

(2019). Biodiversity of leaf litter fungi in streams along a latitudinal gradient. *Science of The Total Environment,* 661, 306–315.

Senga, Y., Yabe, S., Nakamura, T., & Kagami, M. (2018). Influence of parasitic chytrids on the quantity and quality of algal dissolved organic matter (AOM). *Water Research*, 145, lk 346–353.

Sime-Ngando, T., Gerphagnon, mélanie, Colombet, J., Jobard, M., Lefevre, E., Monchy, S., Rasconi, S., Latour, D., Jean-François, C., & Amblard, C. (2016). Molecular Diversity Studies in Lake Pavin Reveal the Ecological Importance of Parasitic True Fungi in the Plankton. Sime-Ngando, T., Boivin, P., Chapron, E., Jezequel, D., Meybeck, M. (toimetajad). *Lake Pavin: History, geology, biogeochemistry, and sedimentology of a deep meromictic maar lake*, lk 329–343. Springer.

Soler-Hurtado, M., M., Sandoval-Sierra, J., V., Machordom, A., & Dieguez-Uribeondo, J. (2016). Aspergillus sydowii and Other Potential Fungal Pathogens in Gorgonian Octocorals of the Ecuadorian Pacific. *PLoS ONE*, 11(11).

Spatafora, J. W., Chang, Y., Benny, G. L., Lazarus, K., Smith, M. E., Berbee, M. L., Bonito, G., Corradi, N., Grigoriev, I., Gryganskyi, A., James, T. Y., O'Donnell, K., Roberson, R. W., Taylor, T. N., Uehling, J., Vilgalys, R., White, M. M., & Stajich, J. E. (2016). A phylum-level phylogenetic classification of zygomycete fungi based on genome-scale data. *Mycologia*, 108(5), lk 1028–1046.

Zhang, T., Fei Wang, N., Qin Zhang, Y., Yu Liu, H., & Yan Yu, L. (2015). Diversity and distribution of fungal communities in the marine sediments of Kongsfjorden, Svalbard (High Arctic). *Scientific Reports*, 5(1), 14524.

Tamre, R. (2006). EESTI JÄRVEDE NIMESTIK. Looduslikud ja tehisjärved. *Keskkonnaministeeriumi Info- ja Tehnokeskus.* Eesti, Tallinn.

Taylor, T. N., Krings, M., & Taylor, E. L. (2015). 8—Ascomycota. T. N. aylor, T. N., Krings, M., & Taylor, E. L. (toimetajad), *Fossil Fung*i (lk 129–171). Academic Press.

Tedersoo, L., Mikryukov, V., Anslan, S., Bahram, M., Khalid, A. N., Corrales, A., Agan, A., Vasco-Palacios, A.-M., Saitta, A., Antonelli, A., Rinaldi, A. C., Verbeken, A., Sulistyo, B. P.,

Tamgnoue, B., Furneaux, B., Ritter, C. D., Nyamukondiwa, C., Sharp, C., Marín, C., Abarenkov, K. (2021). The Global Soil Mycobiome consortium dataset for boosting fungal diversity research. *Fungal Diversity*, 111(1), 573–588.

Tedersoo, L., Sánchez-Ramírez, S., Kõljalg, U., Bahram, M., Döring, M., Schigel, D., May, T., Ryberg, M., & Abarenkov, K. (2018). High-level classification of the Fungi and a tool for evolutionary ecological analyses. *Fungal Diversity*, 90(1), lk 135–159.

Tibell, S., Tibell, L., Pang, K.-L., Calabon, M., & Jones, E. B. G. (2020). Marine fungi of the Baltic Sea. *Mycology*, 11(3), lk 195–213.

Tisthammer, K. H., Cobian, G. M., & Amend, A. S. (2016). Global biogeography of marine fungi is shaped by the environment. *Fungal Ecology*, 19, lk 39–46.

Vabariigi Valitsuse 06 mai 2005. a määrus nr 342 (2005). https://www.riigiteataja.ee/akt/756014

Watkinson, S., C., Boddy, L., & Money, N. P. (2016). *THE FUNGI - THIRD EDITION*. Elsevier. Ühendkuningriik, London.

Van den Wyngaert, S., & Kagami, M. (2022). Fungi and Chytrids. T. Mehner & K. Tockner (toimetajad), *Encyclopedia of Inland Waters (Second Edition)* (lk 616–629). Elsevier.

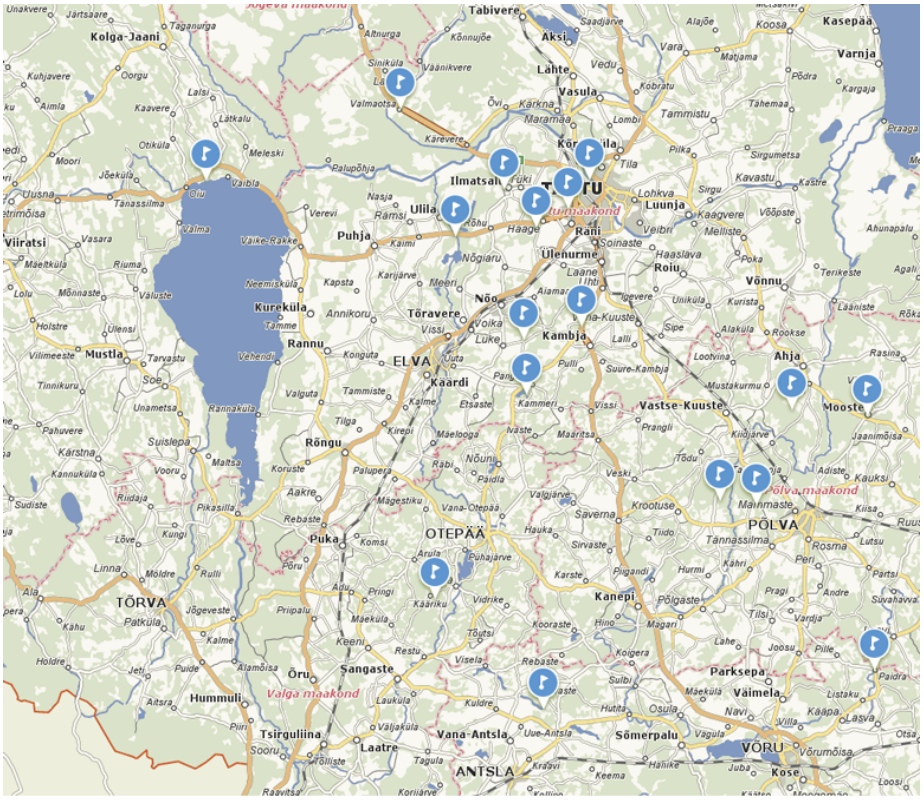
Voigt, K., James, T. Y., Kirk, P. M., Santiago, A. L. C. M. de A., Waldman, B., Griffith, G. W., Fu, M., Radek, R., Strassert, J. F. H., Wurzbacher, C., Jerônimo, G. H., Simmons, D. R., Seto, K., Gentekaki, E., Hurdeal, V. G., Hyde, K. D., Nguyen, T. T. T., & Lee, H. B. (2021). Early-diverging fungal phyla: Taxonomy, species concept, ecology, distribution, anthropogenic impact, and novel phylogenetic proposals. *Fungal Diversity*, 109(1), lk 59–98.

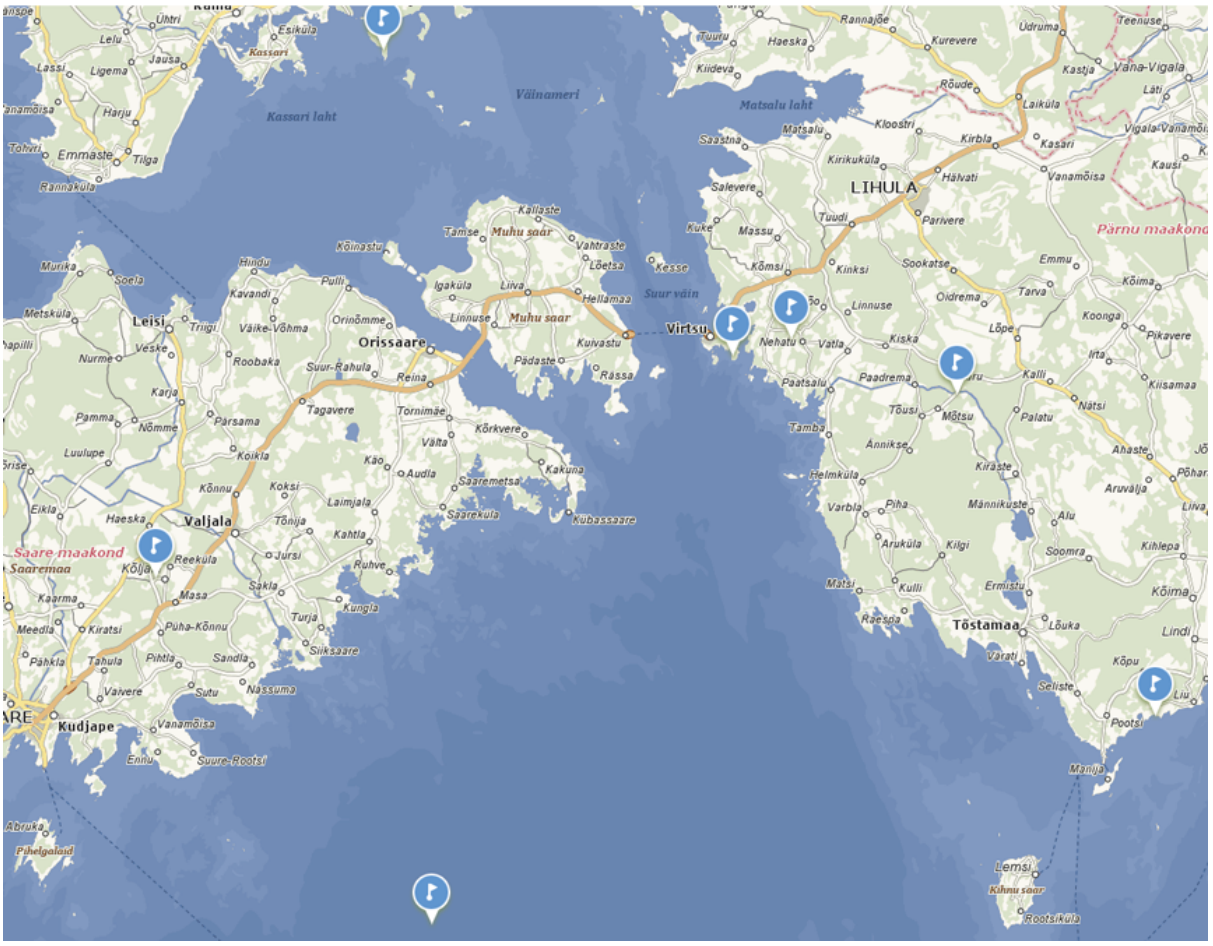
Wurzbacher, C., Warthmann, N., Bourne, E., Attermeyer, K., Allgaier, M., Powell, J. R., Detering, H., Mbedi, S., Grossart, H.-P., & Monaghan, M. (2016). High habitat-specificity in fungal communities in oligo-mesotrophic, temperate Lake Stechlin (North-East Germany). *MycoKeys*, 16, lk 17–44.

Wijayawardene, N. N., Hyde, K. D., & Dai, D.-Q. (2021). Outline of Ascomycota. Zaragoza, Ó., & Casadevall, A., *Encyclopedia of Mycology,* lk 246–254. Elsevier.

Lisad

Lisa 1: Proovialade kaardid (Põhja-Eesti, Lõuna-Eesti, Lääne-Eesti). Koostatud leheküljel kaart.delfi.ee (Delfi, Eesti).




Kassari laht
Väinameri
Matsalu laht
LIHULA
Pärnu maakond
Muhu saar
Suur väin
Virtsu
Leisi
Orissaare
Valjala
Saare maakond
Saaremaa
Kudjape
Tõstamaa
Kihnu saar
Lemsi

Lisa 2: Kasutatud praimerid ja nende järjestused.

5'-> 3' praimer	Järjestus	3'-> 5' praimer	Järjestus
ITS9mun_220	ACCGTAAGACATGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_220	ACCGTAAGACATcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_221	ACCGTGCTCACAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_221	ACCGTGCTCACAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_222	ACCTACTTGTCTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_222	ACCTACTTGTCTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_223	ACCTATGGTGAAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_223	ACCTATGGTGAAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_224	ACCTCTATTCGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_224	ACCTCTATTCGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_225	ACCTGATCCGCAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_225	ACCTGATCCGCAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_226	ACCTTACACCTTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_226	ACCTTACACCTTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_227	ACCTTGACAAGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_227	ACCTTGACAAGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_228	ACGACCTACGCTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_228	ACGACCTACGCTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_229	ACGACTGCATAAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_229	ACGACTGCATAAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_230	ACGAGACTGATTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_230	ACGAGACTGATTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_231	ACGAGGAGTCGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_231	ACGAGGAGTCGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_238	ACGCTGTCGGTTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_238	ACGCTGTCGGTTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_239	ACGGCGTTATGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_239	ACGGCGTTATGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_240	ACGTAACCACGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_240	ACGTAACCACGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_241	ACGTATTCGAAGGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_241	ACGTATTCGAAGcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_242	ACGTGCCTTAGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_242	ACGTGCCTTAGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_256	ACTGTCGCAGTAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_256	ACTGTCGCAGTAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_257	ACTTCGGATGCAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_257	ACTTCGGATGCAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_258	AGAACCGTCATAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_258	AGAACCGTCATAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_259	AGAACTTGACGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_259	AGAACTTGACGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC

ITS9mun_260	AGAAGGCCTTATGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_260	AGAAGGCCTTATcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_261	AGAATAGCGCTTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_261	AGAATAGCGCTTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_262	AGACACCAATGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_262	AGACACCAATGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_263	AGACATACCGTAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_263	AGACATACCGTAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_264	AGACGACGTGGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_264	AGACGACGTGGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_265	AGAGAGACAGGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_265	AGAGAGACAGGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_266	AGAGCATCCACTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_266	AGAGCATCCACTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_267	AGAGCGGAACAAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_267	AGAGCGGAACAAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_268	AGAGTCTTGCCAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_268	AGAGTCTTGCCAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_277	AGCAGGCACGAAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_277	AGCAGGCACGAAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_278	AGCCGACTCTGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_278	AGCCGACTCTGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_279	AGCCGGAGAGTAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_279	AGCCGGAGAGTAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_280	AGCCTGGTACCTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_280	AGCCTGGTACCTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_281	AGCGAACCTGTTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_281	AGCGAACCTGTTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_282	AGCGAGAAGTGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_282	AGCGAGAAGTGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_283	AGCGCATATCCAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_283	AGCGCATATCCAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_284	AGCGGCCTATTAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_284	AGCGGCCTATTAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_285	AGCGTCTGAACTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_285	AGCGTCTGAACTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_287	AGCTAGCGTTCAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_287	AGCTAGCGTTCAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_288	AGCTGCACCTAAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_288	AGCTGCACCTAAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_289	AGCTGTCAAGCTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_289	AGCTGTCAAGCTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_290	AGCTTCGACAGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_290	AGCTTCGACAGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_291	AGGCTCCATGTAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_291	AGGCTCCATGTAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_292	AGGCTTACGTGTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_292	AGGCTTACGTGTcgCCTSCSCTTANTDATATGC

ITS9mun_293	AGGTACGCAATTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_293	AGGTACGCAATTcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_294	AGGTATTACCGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_294	AGGTATTACCGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_295	AGGTGAGTTCTAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_295	AGGTGAGTTCTAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_207	ACAGACGACGGAGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_207	ACAGACGACGGAcgCCTSCSCTTANTDATATGC
ITS9mun_269	AGATAGCTCGCTGTACACACCGCCCGTCG	ITS4ngsUni_269	AGATAGCTCGCTcgCCTSCSCTTANTDATATGC

Lisa 3: Kõik tuvastatud liigid koos veekogudega, kus need esinesid.

Liik	Veekogu(d)
Absidia glauca	Luke vanajärv
Acremonium gamsii	Tatra jõgi
Acremonium pteridii	Leedikõrve jõgi
Acremonium roseolum	Ilmatsalu kalatiik
Acremonium rutilum	Ilmatsalu kalatiik
Acremonium sclerotigenum	Elistvere järv
Acremonium verruculosum	Ilmatsalu kalatiik
Acrostalagmus luteoalbus	Pangodi järv, Harku järv, Klooga järv
Alatospora acuminata	Saula siniallikad, Eerika tiik, Löwenruh pargi tiik
Alatospora flagellata	Saula siniallikad
Alnicola inculta	Saula siniallikad, Hatiku oja
Alternaria chlamydosporigena	Puhtulaiu rand
Amanita colombiana	Tatra jõgi
Amanita hemibapha	Pärka oja
Amanita javanica	Pääsküla parditiik
Amanita pseudoporphyria	Elistvere järv
Amylocorticiellum molle	Saula siniallikad
Anguillospora longissima	Saula siniallikad, Eerika tiik

Aphanoascus reticulisporus	Luke vanajärv
Apodus deciduus	Leedikõrve jõgi
Apodus oryzae	Ilmatsalu kalatiik, Hatiku oja
Arthrinium puccinioides	Jaaniraotu talu kalatiik
Ascitendus austriacus	Luke vanajärv
Ascobolus foliicola	Ulge paadikanal, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Löwenruh pargi tiik
Ascocoryne sarcoides	Elistvere järv
Ascosphaera celerrima	Võhandu jõgi, Hatiku oja
Aspergillus auratus	Emajõgi
Aspergillus gracilis	Kunda laht
Aureobasidium pullulans	Saula siniallikad
Ballistosporomyces sasicola	Elistvere järv
Barnettozyma californica	Pirita jõgi
Betamyces americae-meridionalis	Jaaniraotu talu kalatiik
Blyttiomyces helicus	Viru raba
Boletus ferrugineus	Pirita jõgi
Bulleribasidium oberjochense	Tatra jõgi
Cadophora luteo-olivacea	Elistvere järv
Cephalosporium gramineum	Leedikõrve jõgi

Cercophora ambigua	Võhandu jõgi
Cercophora mirabilis	Saula siniallikad, Kunda jõgi
Cercophora vinosa	Tatra jõgi
Ceriosporopsis halima	Tallinna laht, Puhtulaiu rand
Chytriomyces hyalinus	Palojärv, Pirita jõgi
Ciborinia candolleana	Elistvere järv
Ciliolarina pinicola	Rõuge Suurjärv
Cirrenalia iberica	Saula siniallikad, Tambre järv, Pirita jõgi, Luke vanajärv, Kääriku järv, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Haage järv, Löwenruh pargi tiik, Elistvere järv
Cistella albidolutea	Ilmatsalu kalatiik
Cladophialophora chaetospira	Elistvere järv
Cladorrhinum hyalocarpum	Emajõgi, Pärka oja
Cladosporium colocasiae	Õunaku laht, Kääriku järv
Cladosporium dominicanum	Keila juga, Eerika tiik
Cladosporium pseudocladosporioides	Emajõgi
Claroideoglomus etunicatum	Luke vanajärv
Clathrosphaerina zalewskii	Akste järv, Hatiku oja
Clavariopsis aquatica	Hatiku oja, Kunda jõgi
Clavatospora longibrachiata	Leedikõrve jõgi, Hatiku oja

Climacocystis borealis	Hatiku oja
Clitocybe nebularis	Eerika tiik
Clonostachys divergens	Elistvere järv
Clydaea vesicula	Kunda jõgi
Comoclathris spartii	Kunda laht
Coniothyrium crepinianum	Pärka oja
Coniothyrium genistae	Pirita jõgi, Löwenruh pargi tiik
Coprinellus disseminatus	Saula siniallikad, Kääriku järv, Emajõgi, Kunda jõgi
Coprinopsis acuminata	Hatiku oja, Pärka oja
Coprinopsis atramentaria	Saula siniallikad, Kääriku järv, Pärka oja, Kunda jõgi
Coprinopsis pannucioides	Kunda jõgi
Coprinopsis subdomesticus	Rummu Idakarjäär
Coralloidiomyces digitatus	Tatra jõgi, Pärka oja, Elistvere järv, Kunda jõgi
Cortinarius balaustinus	Uhtjärv
Cortinarius uliginosus	Hatiku oja
Cosmospora viridescens	Saula siniallikad, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Leedikõrve jõgi
Crassiclypeus aquaticus	Elistvere järv
Crinipellis odorata	Harku järv, Ilmatsalu kalatiik
Crocicreas cyathoideum	Tatra jõgi
Cyberlindnera jadinii	Pakri laht

Cyberlindnera suaveolens	Tatra jõgi, Elistvere järv
Cyphellophora europaea	Tatra jõgi
Cystobasidium slooffiae	Hatiku oja
Cystobasidium slooffiae	Elistvere järv
Cytospora leucostoma	Pääsküla parditiik, Pirita jõgi, Võhandu jõgi, Kaali järv, Tatra jõgi, Emajõgi, Hatiku oja, Elistvere järv, Kunda jõgi, Jaaniraotu talu kalatiik
Cytospora personata	Tatra jõgi
Cytospora populina	Võhandu jõgi
Dactylaria dimorphospora	Ilmatsalu kalatiik
Delfinachytrium mesopotamicum	Kaali järv, Haage järv
Dendroclathra lignicola	Löwenruh pargi tiik
Diatrype bullata	Emajõgi
Dichostereum effuscatum	Elistvere järv
Dinomyces arenysensis	Pärnu laht, Pirita jõgi
Dipodascus geotrichum	Hatiku oja
Echinoderma asperum	Kunda jõgi
Emericellopsis minima	Tambre järv, Luke vanajärv, Suur suujärv
Endochytrium ramosum	Rummu Idakarjäär
Entoloma chalybeum	Pääsküla parditiik
Entyloma calendulae	Rummu Idakarjäär

Erythrobasidium hasegawianum	Ilmatsalu kalatiik
Eutypa lata	Võhandu jõgi
Exobasidium arescens	Kunda jõgi
Exobasidium miyabei	Löwenruh pargi tiik
Exophiala angulospora	Löwenruh pargi tiik
Exophiala bonariae	Tatra jõgi
Exophiala lacus	Võhandu jõgi, Elistvere järv
Falciphoriella solaniterrestris	Tatra jõgi
Filobasidium chernovii	Leedikõrve jõgi
Filobasidium wieringae	Rõuge Suurjärv, Kangruaadu järv
Flagellospora curvula	Saula siniallikad, Pirita jõgi, Hatiku oja
Flagellospora leucorhynchos	Löwenruh pargi tiik, Kunda jõgi
Fontanospora fusiramosa	Leedikõrve jõgi
Furculomyces boomerangus	Tatra jõgi
Fusarium culmorum	Ilmatsalu kalatiik
Gaeumannomycella caricis	Rõuge Suurjärv, Tatra jõgi
Genolevuria armeniaca	Tatra jõgi
Geoglossum uliginosum	Pääsküla parditiik
Geopora nicaeensis	Pärka oja
Geotrichum europaeum	Hatiku oja

Gibberella baccata	Löwenruh pargi tiik
Gigaspora margarita	Pirita jõgi
Glarea lozoyensis	Pirita jõgi
Gnomonia alnea	Leedikõrve jõgi
Gymnopilus penetrans	Hatiku oja, Kunda jõgi
Gymnostellatospora japonica	Pärka oja
Halokirschsteiniothelia maritima	Hatiku oja
Halomyces littoreus	Pärnu laht
Hebeloma collariatum	Jaaniraotu talu kalatiik
Hebeloma helodes	Pääsküla parditiik
Heterodoassansia hygrophilae	Mooste järv, Võhandu jõgi, Haage järv, Elistvere järv, Klooga järv
Hortaea werneckii	Elistvere järv
Hyalopeziza raripila	Löwenruh pargi tiik, Ilmatsalu kalatiik
Hyaloraphidium curvatum	Ilmatsalu kalatiik
Hyaloscypha bicolor	Elistvere järv
Hyaloscypha variabilis	Akste järv
Hyaloscypha vraolstadiae	Uhtjärv
Hygrocybe coccineocrenata	Pääsküla parditiik
Hygrocybe helobia	Pääsküla parditiik

Hymenoscyphus caudatus	Löwenruh pargi tiik
Hymenoscyphus menthae	Löwenruh pargi tiik
Hymenoscyphus tetracladius	Palojärv
Hypholoma capnoides	Pärnu laht
Hypholoma fasciculare	Pirita jõgi
Hypholoma polytrichi	Suur suujärv
Hysteropezizella diminuens	Kaliküla karjäär
Ilyonectria robusta	Pärka oja
Infundichalara microchona	Kääriku järv
Inocybe cookei	Elistvere järv
Inocybe lacera	Pääsküla parditiik, Uhtjärv
Itersonilia pannonica	Ilmatsalu kalatiik
Itersonilia pastinacae	Akste järv, Ilmatsalu kalatiik, Emajõgi, Elistvere järv
Kalmusia variispora	Löwenruh pargi tiik
Kondoa yuccicola	Löwenruh pargi tiik
Lactarius necator	Kunda jõgi
Lasiobolidium spirale	Luke vanajärv
Lemonniera aquatica	Keila juga, Pirita jõgi
Lemonniera terrestris	Pirita jõgi, Leedikõrve jõgi
Lentithecium aquaticum	Kunda jõgi

Leptodontidium boreale	Pirita jõgi
Leptosphaeria sclerotioides	Tambre järv, Tatra jõgi
Leuconeurospora polypaeciloides	Pärka oja
Leuconeurospora pulcherrima	Löwenruh pargi tiik, Pärka oja, Kunda jõgi, Jaaniraotu talu kalatiik
Leucosporidium intermedium	Löwenruh pargi tiik
Leucostoma persoonii	Pirita jõgi
Lichenoconium erodens	Tatra jõgi, Leedikõrve jõgi
Limnoperdon incarnatum	Ülemiste järv, Tatra jõgi, Haage järv
Linospora saligna	Elistvere järv
Lycoperdon excipuliforme	Löwenruh pargi tiik, Hatiku oja
Lycoperdon perlatum	Elistvere järv
Lycoperdon pyriforme	Saula siniallikad, Suur suujärv
Malassezia globosa	Mooste järv
Malassezia restricta	Ulge paadikanal, Kangruaadu järv, Kunda laht
Malassezia sympodialis	Kääriku järv
Margaritispora aquatica	Pirita jõgi, Leedikõrve jõgi, Löwenruh pargi tiik
Melanogaster broomeanus	Luke vanajärv
Melanophyllum haematospermum	Löwenruh pargi tiik

Metarhizium anisopliae	Elistvere järv, Jaaniraotu talu kalatiik
Metarhizium flavoviride	Pirita jõgi
Metschnikowia bicuspidata	Puhtulaiu rand
Microdochium phragmitis	Võhandu jõgi, Leedikõrve jõgi
Microstroma bacarum	Löwenruh pargi tiik
Minutisphaera fimbriatispora	Löwenruh pargi tiik
Monoblepharis macrandra	Võhandu jõgi, Löwenruh pargi tiik, Emajõgi, Elistvere järv
Mortierella angusta	Jaaniraotu talu kalatiik
Mortierella exigua	Tatra jõgi, Hatiku oja
Mortierella indohii	Hatiku oja
Mrakia aquatica	Kunda jõgi
Mrakia frigida	Kääriku järv, Pärka oja
Mucor circinelloides	Tallinna laht, Löwenruh pargi tiik, Ilmatsalu kalatiik
Mucor heterogamus	Võhandu jõgi
Mucor hiemalis	Saula siniallikad, Kaali järv, Kunda jõgi
Mucor silvaticus	Rõuge Suurjärv
Murispora medicaginicola	Tatra jõgi
Mycodiella sumatrensis	Akste järv
Nadsonia commutata	Võhandu jõgi, Hatiku oja
Nadsonia starkeyi-henricii	Võhandu jõgi

Neobulgaria koningiana	Saula siniallikad, Pirita jõgi, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Ilmatsalu kalatiik, Emajõgi, Hatiku oja, Pärka oja, Elistvere järv
Neonectria lugdunensis	Leedikõrve jõgi
Neophaeomoniella zymoides	Löwenruh pargi tiik
Neosetophoma phragmitis	Keila juga, Pääsküla parditiik, Pirita jõgi, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Ilmatsalu kalatiik, Pärka oja, Kunda jõgi
Neosetophoma samararum	Jaaniraotu talu kalatiik
Nowakowskiella elegans	Tallinna laht, Eerika tiik, Elistvere järv
Olpidium brassicae	Tambre järv, Võhandu jõgi, Ilmatsalu kalatiik, Kaliküla karjäär
Olpidium virulentus	Ilmatsalu kalatiik
Ophioceras commune	Ilmatsalu kalatiik
Ophiognomonia pseudoischnostyla	Tatra jõgi
Orphella catalaunica	Soodevahe raba
Orphella dalhousiensis	Soodevahe raba
Orphella haysii	Soodevahe raba
Paracamarosporium fagi	Löwenruh pargi tiik
Paraconiothyrium cyclothyrioides	Tallinna laht, Pirita jõgi, Elistvere järv
Paramicrosporidium saccamoebae	Saula siniallikad, Kääriku järv, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Pärka oja, Elistvere järv
Paranamyces uniporus	Harku järv, Tatra jõgi, Haage järv, Ilmatsalu kalatiik, Hatiku oja, Elistvere järv

Parasola kuehneri	Rummu Idakarjäär
Patinella hyalophaea	Kunda jõgi
Pendulichytrium sphaericum	Haage järv
Penicillium glaucoalbidum	Kääriku järv, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Uhtjärv
Penicillium jugoslavicum	Tatra jõgi
Penicillium lapidosum	Kaali järv
Peniophora limitata	Tatra jõgi
Peniophora lycii	Mooste järv
Pezoloma ericae	Pääsküla parditiik
Phaeolepiota aurea	Pärka oja
Phaeosphaeria eustoma	Tatra jõgi
Phialocephala dimorphospora	Rõuge Suurjärv
Phialocephala humicola	Pärka oja
Phialophora benthica	Rõuge Suurjärv, Tatra jõgi, Hatiku oja, Pärka oja
Phlebia tremellosa	Hatiku oja, Elistvere järv
Pholiota abieticola	Kääriku järv, Võhandu jõgi, Pärka oja, Elistvere järv
Pholiota gummosa	Võhandu jõgi, Hatiku oja, Pärka oja
Pholiota jahnii	Saula siniallikad
Pholiota pusilla	Võhandu jõgi, Löwenruh pargi tiik, Emajõgi, Pärka oja, Elistvere järv
Pholiota spumosa	Emajõgi

Pholiota squarrosa	Kääriku järv, Võhandu jõgi
Phomatodes nebulosa	Keila juga
Phyllozyma subbrunnea	Elistvere järv
Physisporinus vitreus	Elistvere järv
Placidium michelii	Kunda laht
Plectosphaerella cucumerina	Võhandu jõgi, Löwenruh pargi tiik, Ilmatsalu kalatiik, Elistvere järv, Klooga järv, Jaaniraotu talu kalatiik
Pluteus cervinus	Elistvere järv
Podospora appendiculata	Tatra jõgi, Löwenruh pargi tiik
Podospora cochleariformis	Tambre järv
Podospora glutinoides	Elistvere järv
Postia fragilis	Kunda jõgi
Prosthemium betulinum	Ilmatsalu kalatiik
Protomyces macrosporus	Tatra jõgi
Psathyrella spadicea	Saula siniallikad
Psathyrella tenera	Tatra jõgi, Kunda jõgi
Pseudeurotium bakeri	Pirita jõgi, Tatra jõgi, Pärka oja
Pseudeurotium desertorum	Hatiku oja, Pärka oja
Pseudeurotium hygrophilum	Pirita jõgi, Ilmatsalu kalatiik, Pärka oja, Elistvere järv, Kunda jõgi
Pseudeurotium ovale	Haage järv, Ilmatsalu kalatiik, Pärka oja, Elistvere järv
Pseudodiplococcium	Löwenruh pargi tiik

ibericum	
Pseudohalonectria lutea	Tatra jõgi, Kunda jõgi
Pseudomassaria chondrospora	Löwenruh pargi tiik
Pseudomicrostroma glucosiphilum	Löwenruh pargi tiik
Pseudomicrostroma phylloplanum	Löwenruh pargi tiik
Pseudoplectania nigrella	Kääriku järv
Pucciniastrum areolatum	Saula siniallikad, Kunda jõgi
Pyrenochaetopsis pratorum	Pirita jõgi
Ramophialophora humicola	Võhandu jõgi
Ramsbottomia asperior	Kunda jõgi
Ramularia phacae-frigidae	Akste järv, Leedikõrve jõgi
Rhizophagus irregularis	Luke vanajärv, Ilmatsalu kalatiik
Rhizophlyctis rosea	Ilmatsalu kalatiik
Rhizopus americanus	Puhtulaiu rand
Rhizopus microsporus	Pärka oja
Rhodotorula babjevae	Kaali järv
Romjularia lurida	Kunda laht
Rozella rhizoclosmatii	Emajõgi
Rutstroemia bolaris	Jaaniraotu talu kalatiik

Sarea difformis	Saula siniallikad
Schizothecium carpinicola	Tambre järv
Schizothecium conicum	Tatra jõgi
Sclerotinia sulcata	Hatiku oja
Scolecobasidium humicola	Tatra jõgi
Scopuloides rimosa	Elistvere järv
Scytalidium lignicola	Löwenruh pargi tiik
Septoriella leuchtmannii	Elistvere järv
Septoriella pseudophragmitis	Tatra jõgi
Setomelanomma holmii	Akste järv
Setoseptoria arundelensis	Elistvere järv
Setoseptoria phragmitis	Pirita jõgi
Sigarispora coronillae	Pirita jõgi
Sistotrema oblongisporum	Pakri laht
Smaragdiniseta bisetosa	Pärka oja
Sphaerulina amelanchier	Leedikõrve jõgi
Spirosphaera cupreorufescens	Saula siniallikad
Sporobolomyces roseus	Kääriku järv, Puhtulaiu rand
Stagonospora perfecta	Tambre järv
Stagonospora	Harku järv

pseudopaludosa	
Stamnaria persoonii	Leedikõrve jõgi
Strobilurus esculentus	Rõuge Suurjärv
Subplenodomus valerianae	Kunda jõgi
Suillus bovinus	Pärnu laht
Suillus collinitus	Löwenruh pargi tiik
Suillus granulatus	Hatiku oja
Taphrina alni	Löwenruh pargi tiik
Taphrina carpini	Löwenruh pargi tiik
Taphrina epiphylla	Löwenruh pargi tiik
Taphrina nana	Löwenruh pargi tiik
Taphrina padi	Löwenruh pargi tiik
Taphrina robinsoniana	Löwenruh pargi tiik
Taphrina sadebeckii	Leedikõrve jõgi, Löwenruh pargi tiik
Taphrina wiesneri	Löwenruh pargi tiik
Tetracladium marchalianum	Leedikõrve jõgi, Löwenruh pargi tiik, Emajõgi, Kunda jõgi
Tetracladium palmatum	Löwenruh pargi tiik, Emajõgi
Tremella diploschistina	Viru raba
Tremella globispora	Löwenruh pargi tiik
Tremella indecorata	Löwenruh pargi tiik
Tremella leptogii	Löwenruh pargi tiik

Trichoderma hamatum	Elistvere järv
Trichoderma harzianum	Tallinna laht
Trichoderma lixii	Hatiku oja
Trichopezizella otanii	Emajõgi
Trichosporiella cerebriformis	Leedikõrve jõgi
Tricladium alaskense	Tatra jõgi
Tricladium angulatum	Pirita jõgi, Hatiku oja, Kunda jõgi
Tumularia aquatica	Saula siniallikad, Hatiku oja, Kunda jõgi
Urocystis secalis-silvestris	Kunda jõgi
Ustanciosporium appendiculatum	Viru raba
Ustilago striiformis	Puhtulaiu rand
Varicosporium delicatum	Tambre järv
Varicosporium elodeae	Akste järv
Venturia chlorospora	Tambre järv, Akste järv, Elistvere järv
Verrucocladosporium visseri	Keila juga
Verticillium dahliae	Võhandu jõgi
Vishniacozyma foliicola	Kääriku järv, Elistvere järv
Vishniacozyma globispora	Akste järv, Ilmatsalu kalatiik, Elistvere järv
Vishniacozyma heimaeyensis	Löwenruh pargi tiik
Vishniacozyma tephrensis	Harku järv, Võhandu jõgi, Leedikõrve jõgi, Löwenruh pargi tiik,

	Elistvere järv
Volucrispora graminea	Pääsküla parditiik
Volutella ciliata	Kaali järv
Westerdykella angulata	Elva jõgi
Westerdykella purpurea	Elva jõgi
Wickerhamomyces anomalus	Pirita jõgi
Xeromyces bisporus	Pirita jõgi
Xylaria castorea	Viru raba
Xylomyces aquaticus	Saula siniallikad, Võhandu jõgi, Tatra jõgi, Löwenruh pargi tiik, Hatiku oja
Zopfiella longicaudata	Võhandu jõgi
Zopfiella pilifera	Võhandu jõgi
Zygophlyctis asterionellae	Pärnu laht, Palojärv, Mooste järv, Kääriku järv, Harku järv, Kaali järv, Haage järv, Akste järv, Löwenruh pargi tiik, Ilmatsalu kalatiik, Elistvere järv
Zygophlyctis melosirae	Ülemiste järv, Rätsepa järv, Luke vanajärv, Kääriku järv, Kaali järv, Haage järv, Akste järv, Löwenruh pargi tiik, Pärka oja, Elistvere järv
Zygophlyctis planktonica	Pirita jõgi, Õunaku laht, Kääriku järv, Harku järv, Kaali järv, Haage järv, Elistvere järv

Lisa 4: Põhja- ja Lõuna-Eesti ühised seeneliigid.

Anguillospora longissima

Ascobolus foliicola

Cirrenalia iberica

Cladosporium dominicanum

Clavariopsis aquatica

Clavatospora longibrachiata

Coprinellus disseminatus

Coprinopsis atramentaria

Coralloidiomyces digitatus

Cosmospora viridescens

Crinipellis odorata

Cytospora leucostoma

Emericellopsis minima

Flagellospora curvula

Gymnopilus penetrans

Heterodoassansia hygrophilae

Hyalopeziza raripila

Inocybe lacera

Leptosphaeria sclerotioides

Leuconeurospora pulcherrima

Lichenoconium erodens

Limnoperdon incarnatum

Lycoperdon excipuliforme

Lycoperdon pyriforme

Microdochium phragmitis

Monoblepharis macrandra

Mucor circinelloides

Neobulgaria koningiana

Neosetophoma phragmitis

Olpidium brassicae

Paraconiothyrium cyclothyrioides

Paramicrosporidium saccamoebae

Paranamyces uniporus

Pholiota pusilla

Plectosphaerella cucumerina

Podospora appendiculata

Psathyrella tenera

Pseudeurotium bakeri

Pseudeurotium hygrophilum

Pseudohalonectria lutea

Ramularia phacae-frigidae

Tetracladium marchalianum

Tetracladium palmatum

Tricladium angulatum

Tumularia aquatica

Venturia chlorospora

Vishniacozyma tephrensis

Xylomyces aquaticus

Zygophlyctis asterionellae

Zygophlyctis melosirae

Zygophlyctis planktonica

Lisa 5: Voolu- ja seisuveekogude kattuvad liigid.

Apodus oryzae

Ascobolus foliicola

Cercophora mirabilis

Chytriomyces hyalinus

Cirrenalia iberica

Cladosporium dominicanum

Clathrosphaerina zalewskii

Coniothyrium genistae

Coprinellus disseminatus

Coprinopsis atramentaria

Coralloidiomyces digitatus

Cosmospora viridescens

Cyberlindnera suaveolens

Cystobasidium slooffiae

Cytospora leucostoma

Exophiala lacus

Flagellospora curvula

Flagellospora leucorhynchos

Gaeumannomycella caricis

Heterodoassansia hygrophilae

Itersonilia pastinacae

Leptosphaeria sclerotioides

Leuconeurospora pulcherrima

Limnoperdon incarnatum

Lycoperdon excipuliforme

Margaritispora aquatica

Monoblepharis macrandra

Mrakia frigida

Mucor hiemalis

Neobulgaria koningiana

Neosetophoma phragmitis

Olpidium brassicae

Paramicrosporidium saccamoebae

Paranamyces uniporus

Penicillium glaucoalbidum

Phialophora benthica

Phlebia tremellosa

Pholiota abieticola

Pholiota pusilla

Pholiota squarrosa

Plectosphaerella cucumerina

Podospora appendiculata

Pseudeurotium hygrophilum

Pseudeurotium ovale

Pucciniastrum areolatum

Ramularia phacae-frigidae

Taphrina sadebeckii

Tetracladium marchalianum

Tetracladium palmatum

Tumularia aquatica

Vishniacozyma tephrensis

Xylomyces aquaticus

Zygophlyctis melosirae

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja üldsusele kättesaadavaks tegemiseks

Mina, Victoria Prins,

1. annan Tartu Ülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) minu loodud teose Veeseened ja nende mitmekesisus Eesti veekogude setetes, mille juhendajad on Kristel Panksep 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 Commonsi litsentsiga CC BY NC ND 4.0, 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.

Victoria Prins

26.05.2022