UQAC
Université du Québec
à Chicoutimi

Caractérisation des bioaérosols de deux zones urbaines au Canada avec des degrés d'urbanisation distincts

par Rébecca Gagnon

Mémoire présenté à l'Université du Québec à Chicoutimi en vue de l'obtention du grade de maîtrise ès sciences (M. Sc.) en ressources renouvelables

Québec, Canada

© Rébecca Gagnon, 2026

RÉSUMÉ

Les bioaérosols sont ubiquitaires dans l'environnement, autant à l'extérieur qu'à l'intérieur. L'assemblage des communautés microbiennes dans l'air est le résultat de processus complexes impliquant des facteurs environnementaux, le climat et les activités humaines. L'anthropisation du territoire est due à l'augmentation de l'urbanisation. Cette modification de l'utilisation du territoire entraîne des changements dans l'émission des bioaérosols, notamment dans la composition des communautés les constituant. Le système respiratoire humain est en constante exposition aux bioaérosols, qui, pour la grande majorité, n'ont pas d'effets significatifs sur la santé humaine. Cependant, certains peuvent exacerber l'inflammation des voies respiratoires, voire causer des infections, alors que d'autres peuvent avoir des propriétés anti-inflammatoires. Malgré l'intérêt en santé publique et les études portant sur leur présence dans le milieu de travail, peu se sont intéressées à l'impact du degré d'urbanisation sur le microbiome de l'air dans un contexte d'exposition quotidienne, et sur l'impact de ces communautés sur l'air à l'intérieur de bâtiments.

Pour combler ce manque de connaissances, nous avons prélevé des échantillons d'air dans deux zones urbaines canadiennes présentant un niveau contrasté d'urbanisation, Scarborough (Toronto, ON) et Chicoutimi (Saguenay, QC). Nous avons mesuré l'abondance bactérienne en ciblant le gène de l'ARN ribosomal 16S par qPCR. Nous avons également caractérisé la composition des communautés de bactéries et de champignons via le séquençage d'amplicon ciblant le gène ARNr 16S V3-V4 (bactéries) et l'intron ITS2 (champignons). Les hypothèses étaient que la zone à urbanisation plus élevée aurait une abondance bactérienne plus élevée, mais une diversité plus faible, et que les communautés microbiennes aériennes entre les deux zones seraient distinctes. Nous nous attendions à ce que l'air intérieur ait une abondance bactérienne plus élevée, mais une diversité plus faible que l'air extérieur.

L'air échantillonné comportait une grande diversité de bactéries (incluant les *Pseudomonadota*, *Bacillota* et *Actinomycetota*) ainsi que de champignons (*Ascomycota* et *Basidiomycota*). Considérant l'ensemble des échantillons extérieurs, l'abondance et la diversité taxonomique bactériennes étaient positivement corrélées à la vitesse du vent, et l'abondance bactérienne était également inversement corrélée à la température. L'abondance en bactéries dans l'air était plus grande à Scarborough, le site le plus urbanisé, qu'à Chicoutimi. La même tendance est observée pour la richesse taxonomique et l'équitabilité des communautés bactériennes. Aucune différence significative de diversité taxonomique n'a été observée pour les champignons. En termes de composition des communautés, les deux zones urbaines, de même que l'air intérieur et extérieur, étaient significativement différentes. Pour l'air intérieur, une abondance plus élevée en bactéries, potentiellement dû à l'occupation humaine et la circulation d'air plus réduite, a été mesurée. La diversité taxonomique était cependant plus élevée pour l'air extérieur. Trois familles bactériennes avaient une abondance significativement plus élevée dans l'air extérieur: *Oxalobacteraceae*, *Acetobacteraceae* et *Hymenobacteraceae*. De plus, un genre bactérien, *Ralstonia*, était enrichi dans l'air intérieur, précédemment identifié comme indicateur de l'air intérieur et dans l'air pollué. Cette étude met en évidence l'influence du territoire et des conditions locales sur la composition des communautés microbiennes de l'air, et éclaire la manière dont l'urbanisation affecte les bioaérosols des villes. Ces travaux soulignent également le lien entre l'air intérieur et extérieur, présentant un portrait de l'exposition aux bioaérosols lors de la vie quotidienne. L'augmentation des températures et la fréquence plus élevée de tempêtes en raison des changements climatiques pourraient altérer la composition microbienne des villes, en changeant leur composition et l'abondance. De plus, les prévisions démographiques indiquent que la densité de population urbaine devrait s'accroître, ce qui signifie que plus de personnes seront exposées à l'aérobiome des villes et contribueront à changer les sources d'émission.

ABSTRACT

Bioaerosols are ubiquitous in outdoor and built environments. The assembly of microbial communities present in the air results from complex processes involving environmental factors, climate, and human activities. This impact of increasing human activity on bioaerosols is in part driven by urbanization. Changes in land use led to modifications in bioaerosol emissions, particularly for their microbial composition. The human respiratory tract is in continuous contact with bioaerosols. While some microbes which constitute bioaerosols may be infectious or pro-inflammatory, most are harmless, or even have anti-inflammatory properties. Despite the public health relevance of airborne microbial exposure and attention bioaerosols have received in the workplace, little is known about how microbial community composition varies in urban areas and how it affects indoor settings.

To address this knowledge gap, we collected air samples in two Canadian urban areas, Scarborough (Toronto, ON) and Chicoutimi (Saguenay, QC) with contrasting levels of urbanization. We measured bacterial abundance by targeting the 16S ribosomal RNA gene using qPCR. We characterized bacterial and fungal communities through amplicon sequencing targeting the 16S rRNA gene (bacteria) and the ITS2 intron (fungi). We hypothesized that areas with greater urbanization will have higher bacterial abundance, but lower diversity. We further hypothesized that both zones will have distinct airborne microbial compositions. We expected indoor air to contain a greater bacterial abundance than outdoor air, but lower diversity levels.

Sampled air contained a high diversity of bacteria (including *Pseudomonadota*, *Bacillota* and *Actinomycetota*) and fungi (*Ascomycota* and *Basidiomycota*). Total bacterial abundance and taxonomic diversity were significantly correlated to wind speed, regardless of location. Total abundance was negatively correlated to temperature. They were also highest in Scarborough, the most populous area. As for fungi, no differences or correlations with environmental parameters were detected. Moreover, distinct microbial assemblages were observed in each urban area and between indoor and outdoor air. For indoor air, a higher bacterial abundance, likely due to human occupancy and reduced air circulation, was detected, whereas outdoor air showed greater taxonomic diversity. Community composition was significantly different between urban areas and indoor-outdoor. Three bacterial families were significantly more abundant in outdoor air: *Oxalobacteraceae*, *Acetobacteraceae*, and *Hymenobacteraceae*. Additionally, one bacterial genus, *Ralstonia*, was detected as enriched in indoor air, previously identified as an indicator of indoor air and in polluted air. This study highlights the influence of land use and local conditions on the composition of airborne microbial communities. These findings suggest that both environmental conditions and indoor/outdoor settings should be considered when assessing every day microbial exposure in built environments and cities. By characterizing the links between indoor and outdoor airborne microbiomes, this study provides insight into bioaerosol exposure in our daily lives. Higher temperatures and more storms due to climate change will change airborne microbial community composition and their abundance. Additionally, demographic projections suggest an increase in urban population density, leading to more people being exposed to urban air, which could alter emission sources.

TABLES DES MATIÈRES

RÉSUMÉ i
ABSTRACT ii
TABLES DES MATIÈRES iii
LISTE DES FIGURES v
LISTE DES ABRÉVIATIONS vi
REMERCIEMENTS vii
AVANT-PROPOS viii
CHAPITRE 1 1
1.1 Bioaérosols 1
1.1.1 Sources d'émission 1
1.1.2 Transport et dispersion 3
1.1.3 Déposition 4
1.1.4 Composition 5
1.2 Effets associés à l'exposition aux bioaérosols 6
1.2.1 Maladies infectieuses 7
1.2.2 Composés inflammatoires 8
1.3 Échantillonnage 10
1.3.1 Caractérisation de l'aérobiome 11
1.4 Urbanisation 12
1.5 Objectifs et hypothèses 14
1.6 Méthodologie 15
CHAPITRE 2 16
2.1 Introduction 16
2.2 Methods 18
2.2.1 Sampling location 18
2.2.2 Air sampling 19
2.2.3 DNA extraction 20
2.2.4 qPCR analyses 21
2.2.5 Sequencing and analyses 21
2.2.6 Statistical analysis 23
2.3 Results 25
2.3.1 Effects of environmental variables on outdoor air microbiome 25
2.3.2 Community composition 26
2.3.3 Interurban abundance and diversity 28
2.3.4 Indoor-outdoor abundance and diversity 32
2.4 Discussion 34
2.4.1 Bioaerosols composition in both urban areas 34
2.4.2 Impacts of wind and temperature on airborne bacteria 36
2.4.3 No environmental effect on airborne fungi 36
2.4.4 Bacterial abundance differed according to urbanization 37

2.4.5 Interurban aerobiome differs in diversity 37
2.4.6 Interurban comparison for fungal sequence.....38
2.4.7 Indoor and outdoor air significantly different.....39
2.4.8 Conclusion 42
CHAPITRE 3.....43
LISTE DE RÉFÉRENCES 49
ANNEXE 1: Supplementary materials (Chapitre 2).....68

LISTE DES FIGURES

FIGURE 1: SPATIAL DISTRIBUTION OF THE SAMPLING SITES IN CHICOUTIMI AND SCARBOROUGH. 19
FIGURE 2: SPEARMAN CORRELATIONS BETWEEN ENVIRONMENTAL FACTORS AND MICROBIAL ABUNDANCE AND DIVERSITY. (A) LOG10 (16S COPY/M^3) +1, (B) BACTERIAL SHANNON INDEX AND (C) FUNGAL SHANNON INDEX VERSUS WIND SPEED (KM/H), TEMPERATURE (°C) AND RELATIVE HUMIDITY FOR OUTDOOR. GRAY AREAS REPRESENT THE 95 % CONFIDENCE INTERVAL. 26
FIGURE 3 : COMMUNITY COMPOSITION AT ORDER LEVEL FOR (A) BACTERIA AND (B) FUNGI. DATA WERE TRANSFORMED AS RELATIVE ABUNDANCE. FACETS ARE ORGANIZED BY ENVIRONMENT AND URBAN AREAS. ORDERS WITH A RELATIVE ABUNDANCE LESS THAN 2% ARE GROUPED INTO THE 'OTHER' CATEGORY. THE X-AXIS REPRESENTS SAMPLES. 28
FIGURE 4 : BACTERIAL DIVERSITY METRICS FOR OUTDOOR AIR SAMPLES ACROSS URBAN AREAS. (A) BACTERIAL ABUNDANCE QUANTIFIED BY 16S RRNA GENE ON A LOG10 +1 SCALE (T-TEST). (B) ALPHA DIVERSITY MEASURE BY SHANNON INDEX (T-TEST). (A-B) RED DIAMONDS REPRESENT THE MEAN. (D-D) BACTERIAL PCOA PLOTS BASED ON BRAY-CURTIS DISSIMILARITY MATRICES WITH A VARIANCE STABILIZING TRANSFORMATION, COLORED BY (C) TEMPERATURE (ºC) AND (D) WIND SPEED (KM/H). ELLIPSES INDICATE THE 95% CONFIDENCE INTERVALS. 30
FIGURE 5 : FUNGAL DIVERSITY METRICS FOR OUTDOOR AIR SAMPLES ACROSS URBAN AREAS. (A) ALPHA DIVERSITY MEASURE BY SHANNON INDEX (T-TEST). (A) RED DIAMONDS REPRESENT THE MEAN. (B-C) FUNGAL PCOA PLOTS BASED ON BRAY-CURTIS DISSIMILARITY MATRICES WITH A VST TRANSFORMATION, COLORED BY (B) TEMPERATURE (ºC) AND (C) WIND SPEED (KM/H). ELLIPSES INDICATE THE 95% CONFIDENCE INTERVALS. DIFFERENCE BETWEEN COMMUNITY COMPOSITION WAS ASSESSED USING PERMANOVA. (D) DIFFERENTIALLY ABUNDANT FUNGAL GENERA ACROSS URBAN AREAS, DETERMINED USING ANCOM-BC2 ANALYSIS. ERROR BARS REPRESENT STANDARD ERRORS. 32
FIGURE 6 : BACTERIAL ABUNDANCE AND DIVERSITY METRICS FOR CHICOUTIMI AIR SAMPLES ACROSS ENVIRONMENT. (A) BACTERIAL ABUNDANCE QUANTIFIED BY 16S RRNA GENE ON A LOG10 +1 SCALE (T-TEST). (B) ALPHA DIVERSITY MEASURE BY SHANNON INDEX (WILCOXON). (A-B) RED DIAMONDS REPRESENT THE MEAN. (C) BACTERIAL PCOA PLOTS BASED ON BRAY-CURTIS DISSIMILARITY MATRICES WITH A VST TRANSFORMATION, COLORED BY ENVIRONMENT. ELLIPSES INDICATE THE 95% CONFIDENCE INTERVALS. DIFFERENCE BETWEEN COMMUNITY COMPOSITION WAS ASSESSED USING PERMANOVA. (D-E) DIFFERENTIAL ABUNDANCE ANALYSIS USING ANCOM-BC2 FOR (D) GENUS AND (E) FAMILY LEVELS, ACROSS ENVIRONMENT IN CHICOUTIMI. ERROR BARS REPRESENT STANDARD ERRORS. 33

LISTE DES ABRÉVIATIONS

ADN/DNA	Acide désoxyribonucléique / *Deoxyribonucleic acid*
ARG	Gène de résistance aux antibiotiques / *Antibiotic resistance gene*
ARNr/rRNA	ARN ribosomique / *Ribosomal RNA*
ASV	Variant de séquence d'amplicon / *Amplicon sequence variant*
IBIS	Institut de biologie intégrative et des systèmes
ITS	Espaceur interne transcrit / *Internal transcribed spacer*
LPS	Lipopolysaccharides
MCOV	Composés organiques volatils microbiens / *Microbial volatile organic compound*
PERMANOVA	Analyse de variance multivariée permutationelle / *Permutational multivariate analysis of variance*
PCoA	Analyse en coordonnées principales / *Principal coordinate analysis*
PCR	Réaction en chaîne par polymérase / *Polymerase chain reaction*
PM	Matière particulaire / *Particulate matter*
qPCR	Réaction en chaîne par polymérase quantitative / *Quantitative polymerase chain reaction*
UFC	Unité formatrice de colonies / *Colony-Forming unit*
VOC	Composés organiques volatils / *Volatile organic compounds*
VST	Transformation stabilisant la variance */ Variance stabilizing transformation*

REMERCIEMENTS

Je tiens tout d'abord à remercier chaleureusement l'ensemble de mon comité de direction. Merci à Catherine Girard de m'avoir permis beaucoup de liberté dans mon projet, d'appuyer mon autonomie et ma polyvalence. Les opportunités qu'elle m'a offertes m'ont grandement permis de grandir en tant que personne, mais aussi sur le plan professionnel. Tes encouragements m'ont permis de persévérer tout au long de mon parcours. Je tiens également à remercier Catherine Laprise et Paul George. Je souligne en particulier qu'ils ont pris le temps de me soutenir et qu'ils étaient toujours prêts à sauter à pieds joints lorsque j'avais besoin de leurs précieux conseils et suggestions. J'ai eu la chance d'avoir un comité de direction exceptionnel et j'ai été très bien entourée.

J'aimerais également remercier les membres du laboratoire du Patrimoine microbien qui m'ont aidé lorsque j'avais des questions lors de mon projet, surtout Pénélope Blackburn Desbiens. Merci pour ta bonne humeur constante à chaque fois que j'avais des questions. Je n'aurais jamais pu terminer cette recherche sans l'aide en laboratoire de Crysta Rhainds et Claire Fournier, deux techniciennes en or. Merci également au laboratoire de Paul George, plus particulièrement à Christina Bouchard, pour tes conseils et ton aide précieuse lors des analyses en laboratoires. Merci à Élyse Caron-Beaudoin et Matthew Day pour l'accueil chaleureux dans leur laboratoire lors de mes séjours à Toronto.

Un énorme merci à ma famille et ami qui ont été mes admirateurs #1, à célébrer mes succès, mais aussi m'épauler lors des échecs. Merci à ceux ayant rendu ma maîtrise incroyable : Lydia Ouellet, Rosalie Gagnon, David Simard et Karan Kumar Singh. Sans vous, sachez que je n'aurais probablement pas autant ri et aimé mon parcours. Merci à mes parents et surtout à mon mari, Yohan Lalancette, de m'avoir rassurée et soutenu tout au long de cette aventure. Cette réussite, je la dois en grande partie à toi. Merci du fond du cœur.

Finalement, j'aimerais remercier le soutien financier et logistique des organismes suivants : Conseil de recherches en sciences naturelles et en génie du Canada (CRSNG), Alliance de recherche numérique du Canada, Réseau airs, intersectorialité, recherche respiratoire et sonore (AIRS), du Centre intersectoriel en santé durable de l'UQAC (CISD) et du Fonds de Recherche du Québec – Nature et Technologie (FRQNT).

AVANT-PROPOS

Les microorganismes sont omniprésents sur terre. Les avancées technologiques des dernières décennies ont grandement fait progresser la recherche dans ce domaine, surtout grâce à l'apparition des nouvelles méthodes de séquençage de l'ADN. Avant les approches moléculaires, la diversité des microorganismes environnementaux était souvent sous-représentée en raison de leurs conditions de cultures fastidieuses, voire impossibles à isoler en laboratoire. Grâce aux techniques moléculaires, il est maintenant possible d'avoir une meilleure vue d'ensemble de la composition des communautés en se basant sur leur ADN, plus facilement extrait à partir d'échantillons complexes. Les communautés microbiennes constituant les bioaérosols sont de plus en plus étudiées. L'air contient de minuscules particules d'origine biologiques qui ont un impact direct (pathogènes) ou indirect (agents pro- ou anti-inflammatoires) sur la santé respiratoire. Les communautés microbiennes, qui varient selon les sources d'émissions, peuvent impacter la santé humaine. De ce fait, caractériser l'air est important pour l'évaluation de la qualité de l'air dans différents milieux. Si ceci est un enjeu plus reconnu pour la sécurité des milieux de travail ou les milieux hospitaliers, l'air extérieur est sous-étudié, et représente une source d'exposition pour les individus occupant le territoire. L'expansion des villes via l'urbanisation modifie le territoire et impacte éventuellement la composition des communautés microbiennes, avec des conséquences méconnues pour la santé respiratoire.

Le premier chapitre de ce mémoire constitue une introduction générale aux bioaérosols et leurs caractéristiques, la physique de leur transport, leur dispersion et leur déposition, leurs impacts sur la santé, et l'environnement, les méthodes d'échantillonnage et l'effet de l'urbanisation sur l'aérobiome. L'introduction générale termine avec la présentation des objectifs spécifiques et hypothèses du projet de même qu'une brève introduction de la méthodologie employée. Le deuxième chapitre est un article scientifique rédigé en anglais, intitulé « *Characterization of bioaerosols of two urban areas in Canada with distinct urbanization levels* » avec comme coauteurs Paul B.L. George, Matthew W. Day, Isabelle Laforest-Lapointe, Caroline Duchaine, Élyse Caron-Beaudoin, Catherine Laprise et Catherine Girard. L'article est en préparation et sera soumis à *Sustainable Microbiology*. Il comprend une description de la méthodologie détaillée, les résultats ainsi que la discussion. La conclusion générale présente un récapitulatif des résultats principaux, les limites et les perspectives de l'étude.

CHAPITRE 1

INTRODUCTION GÉNÉRALE

1.1 Bioaérosols

L'air comprend plusieurs composés, incluant des gaz, des gouttelettes d'eau, des composés organiques volatils (VOCs) et des bioaérosols (Hinds et Zhu 2022). Les bioaérosols sont des particules dont l'origine est biologique, et incluent des virus, des microorganismes entiers ou fragmentés, leurs métabolites, des spores et le pollen (Burge et Solomon 1987; Hinds et Zhu 2022).

Les bioaérosols ont un diamètre entre 0,5 et 100 µm (Stetzenbach *et al.* 2004; Hirst 2020; Hinds et Zhu 2022), et peuvent être aérosolisés sous forme humide ou sèche (Alsved *et al.* 2020). Les bioaérosols secs sont générés à partir de processus mécaniques de sources de faible humidité, comme le travail du sol, la perte de microorganismes commensaux sur la peau, libération du pollen, etc. Les bioaérosols humides proviennent de la fragmentation de surfaces liquides, qui crée des microgouttelettes dans l'air comprenant des particules d'origines biologiques (Lighthart 1994), et proviennent de milieux à humidité relative élevée. Les bioaérosols humides peuvent devenir secs lorsqu'il y a évaporation, produisant un noyau d'aérosols (Lighthart 1994; Verreault *et al.* 2008). Plusieurs sources d'émission peuvent émettre des bioaérosols, qui seront transportés dans l'air et déposés sur une surface en fonction de leur taille.

1.1.1 Sources d'émission

Les sources d'émission des bioaérosols peuvent être naturelles ou anthropiques, et provenir de l'environnement intérieur ou extérieur. En raison de son activité microbienne importante, le sol est la principale source naturelle de bioaérosols, comme démontré par des expériences en laboratoire ayant identifié les microorganismes dans l'air comme lien important entre l'air, le sol et le microbiome des plantes (Burrows *et al.* 2009; Zhou *et al.* 2021). Le vent et la pluie qui s'éclaboussent au sol peuvent mettre en suspension les microorganismes telluriques, contribuant à de nouvelles particules dans l'air (Kurkela 1997; Zhong *et al.* 2016;

Joung *et al.* 2017). En effet, une étude réalisée à Séoul a démontré qu'après un épisode de pluie, la composition des groupes bactériens dans l'air urbain change (Jang *et al.* 2017). De plus, les plans d'eau sont également des sources de bioaérosols via la perturbation de leur couche de surface, surtout par l'action des vagues qui produit des microgouttelettes (Walls *et al.* 2014; Sialve *et al.* 2015). Une étude menée à Weihai, une ville côtière de Chine, a démontré qu'environ 40 % des bioaérosols y ont une origine marine (He *et al.* 2024).

La végétation est également une source importante de bioaérosols, qui peuvent avoir une origine végétale (comme le pollen), mais également microbienne (Lindemann *et al.* 1982; Kraaijeveld *et al.* 2015). En effet, la phyllosphère, qui correspond à la partie aérienne des plantes, est colonisée par les microorganismes (Lindow et Leveau 2002; Vorholt 2012) pouvant être transportés dans l'air sous forme de bioaérosols. Les espaces verts sont des endroits ayant une forte concentration en bioaérosols (Lymperopoulou *et al.* 2016). Il a été démontré que les bactéries associées aux plantes contribuent à la composition de l'aérobiome, et que le vent traversant une zone végétalisée mène à une augmentation de l'abondance des bactéries et des champignons dans l'air et à un changement de composition des microorganismes présents (Lymperopoulou *et al.* 2016). En effet, les taxons bactériens *Panteo, Sphingomonas* et *Pseudomonas*, tout comme les taxons fongiques *Cryptococcus chernovii* et *Cladosporium* étaient plus abondants dans l'air ayant traversé la végétation (Lymperopoulou *et al.* 2016).

Les bioaérosols peuvent également avoir des sources d'émissions liées à l'activité humaine. Les sources anthropiques extérieures proviennent majoritairement d'activités à grande échelle, telles que les fermes d'élevage, les usines de traitement des eaux usées et les décharges (Lymperopoulou *et al.* 2016). Les méthodes de culture agricoles actuelles, comme le labourage intensif et l'épandage de fumier, changent la composition des communautés microbiennes du sol (Khmelevtsova *et al.* 2022). Comme pour les microorganismes endémiques au sol et aux plantes, les microorganismes associés aux cultivars peuvent être mis en suspension dans l'air par le vent (Gashi *et al.* 2025). Les fermes d'élevage émettent une quantité importante de bioaérosols qui peut être détectée à l'extérieur des résidences à proximité, principalement associées au microbiome des animaux qui y sont élevés (de Rooij *et al.* 2019). L'air dans les usines de traitement des eaux peut inclure des bactéries entériques et des coliphages (Brandi *et al.* 2000; Heinonen-Tanski *et al.* 2009), suivant les mêmes mécanismes que dans les plans d'eau (Sialve *et al.* 2015), où la perturbation de l'eau par une action mécanique

entraîne la formation de microgouttelettes aérosolisées contenant des microorganismes de l'eau. Les travailleurs et travailleuses peuvent y être exposés à des pathogènes ou autres microorganismes entériques, comme *Enterobacter cloacae*, *Staphylococcus aureus* et *Yersinia enterocolitica* (Lu *et al.* 2020).

Enfin, le corps humain est également une source directe de bioaérosols (Kalogerakis *et al.* 2005; Meadow *et al.* 2014) via la desquamation de la peau, principalement par la respiration, particulièrement dans l'air à l'intérieur de bâtiments. Le microbiome respiratoire contribue à l'émission de microorganismes dans l'air via l'éternuement, la toux et l'expiration (Spendlove et Fannin 1983; Edwards *et al.* 2004; Chen *et al.* 2009). La présence humaine augmente l'abondance de bioaérosols à l'intérieur de bâtiments, à moins d'une forte ventilation (Kalogerakis *et al.* 2005; Meadow *et al.* 2014). L'humain peut également faciliter l'émission à partir d'autres surfaces en interagissant avec son environnement, par exemple en marchant, en tirant la chasse d'eau, en passant l'aspirateur (Johnson *et al.* 2013; Veillette *et al.* 2013; Heo *et al.* 2017), ces activités soulevant des bioaérosols à partir des surfaces et les suspendant dans l'air. Dans Adams *et al.* 2015, 13% de la variation de la composition bactérienne dans l'air intérieur d'une chambre expérimentale contrôlée simulant un bureau était expliquée par l'occupation humaine. De plus, les périodes de fort achalandage entrainaient une augmentation importante de la richesse bactérienne et fongique dans l'air. En présence d'une ventilation élevée provenant de l'extérieur, l'aérobiome intérieur tend à être plus similaire à celui extérieur, avec un impact de l'occupation humaine moins important (Meadow *et al.* 2014).

1.1.2 Transport et dispersion

Une fois dans l'air, les bioaérosols peuvent être transportés sur de courtes et longues distances. Les petites particules véhiculées plus longtemps dans l'atmosphère, en suivant les courants d'air, tandis que les plus grosses particules se déposent plus rapidement par gravité (Pepper et Gerba 2015; Grewling *et al.* 2022). Dans l'air, les microorganismes font face à des conditions hostiles, incluant la radiation solaire importante et la faible disponibilité en eau, qui structurent les communautés microbiennes de l'air (collectivement appelées l'aérobiome) (Pepper et Gerba 2015; Kowalski et Pastuszka 2018; Cox 2020a). Des changements dans l'humidité relative peuvent entrainer un changement dans la composition de l'aérobiome, en favorisant des bactéries adaptées à la dessiccation (Pepper et Gerba 2015). C'est le cas de *S. aureus* qui survit mieux à une

humidité relative inférieure à 50 %, contrairement à *Pseudomonas amygdali pv. Lachrymans*, dont l'optimum de survie dans l'air se situe à 95 % d'humidité relative (Chai *et al.* 2023; Siller *et al.* 2024). Les microorganismes peuvent également produire des structures de durées pour améliorer leur taux de survie dans l'air, comme les spores et endospores (Lighthart et Shaffer 1997), et les spores de champignons, comme *Amanita muscaria var. alba*, favorisent leur survie jusqu'à la déposition (Li 2005; Lagomarsino Oneto *et al.* 2020). En réponse aux UVs dans l'air, certaines bactéries utilisent également des pigments caroténoïdes pour mieux résister à la radiation solaire (Tong et Lighthart 1997). Le changement rapide des conditions météorologiques fait en sorte que l'aérobiome est beaucoup plus variable que le microbiome d'autres habitats plus stables, comme le sol.

1.1.3 Déposition

Les bioaérosols dans l'air se déposent éventuellement sur des surfaces et, par conséquent, sont à terme retirés de l'air. Les particules biologiques se comportent selon les mêmes mécanismes de déposition que les particules non biologiques (Cox et Wathes 2020; Hinds et Zhu 2022), en suivant les flux d'air et la mécanique des fluides. La déposition des bioaérosols dépend de leur taille (Hinds 1999), et se fait selon cinq mécanismes majeurs : la gravité/sédimentation, l'impaction par inertie, la diffusion, l'interception et la précipitation électrostatique (Mack *et al.* 2019; Hinds et Zhu 2022). La force gravitationnelle attire les particules vers le sol en fonction de leur masse (Cox 2020b). L'impaction par inertie résulte du fait que la particule, en raison de l'inertie du mouvement, ne suit pas le flux d'air qui contourne une surface et entre en collision avec celle-ci (Hinds et Zhu 2022). La diffusion agit seulement sur les particules de moins de 1 µm. Lorsqu'un bioaérosol n'entre pas en collision avec une surface, mais la touche en partie, la surface retient la particule, menant à la déposition par interception. La précipitation électrostatique dépend de la charge de la particule.

En raison de leur petite taille, les bioaérosols suivent les courants d'air à moins d'une interception. Ils peuvent être transportés sur de très longues distances, comme les spores d'*Alternaria* spp, qui ont été détectées jusqu'à 600 km de leur site d'émission (Grewling *et al.* 2022). La pluie et la neige, via une déposition dite liquide, retirent les particules dans l'air et les déposent sur les surfaces (Cox et Wathes 2020). Les nuages peuvent également contenir des bioaérosols, dont des gènes de résistances antimicrobiennes (Sattler *et al.* 2001; Bauer *et al.* 2002; Rossi *et al.* 2023). La déposition à sec des bioaérosols sur les surfaces est un processus qui

se déroule continuellement (Cox et Wathes 2020). Au-delà de la dynamique du transport, les bioaérosols sont caractérisés par une grande diversité de particules.

1.1.4 Composition

Les bioaérosols peuvent être des microorganismes (bactéries, archées, virus, moisissures, et protistes), des composantes structurales fragmentées (liposaccharides, peptidoglycanes, ß-D-glucanes et ergostérols), des métabolites (mycotoxines et composés organiques volatils d'origine microbienne (COVM) ou leurs structures de durée (pollen, spores, endospores) (Burge et Solomon 1987; Lacey et Dutkiewicz 1994; Hinds et Zhu 2022)). Les microorganismes viables qui sont en suspension dans l'air forment une communauté, un ensemble d'espèces qui cohabitent et qui peuvent être étudiées par des approches écologiques. Les composantes les mieux connues de cet aérobiome sont les virus, les bactéries, les champignons et le pollen.

Les bactéries sous forme aérosolisées sont omniprésentes dans l'environnement, avec une abondance moyenne d'environ 10^4 bactéries/m^3 (Burrows *et al.* 2009; Després *et al.* 2012). Les Gram + sont majoritairement associés à la flore humaine et animale, représentant une grande proportion des communautés retrouvées dans l'air intérieur (Rintala *et al.* 2008; Aydogdu *et al.* 2010; Faridi *et al.* 2015). Leur concentration tend à augmenter dans des lieux à forte occupation humaine, dont les écoles et les édifices à bureaux (Tsai et Macher 2005; Mirhoseini *et al.* 2016; Brągoszewska *et al.* 2018). Les Gram + sont également bien représentés dans l'air extérieur, en raison de leur plus grande résistance aux conditions environnementales difficiles, comme la radiation solaire, en raison de leur capacité à former des endospores (Tong et Lighthart 1997; Fang *et al.* 2007; Aydogdu *et al.* 2010; Brągoszewska *et al.* 2018; Gashi *et al.* 2025). Les bactéries les plus abondantes retrouvées dans l'air en général sont *Bacillus* spp, *Micrococcus* spp, *Staphylococcus* spp et *Pseudomonas* spp (Fang *et al.* 2007; Faridi *et al.* 2015; Mirhoseini *et al.* 2016).

Si les bactéries dominent la recherche sur l'aérobiome, les archées y sont beaucoup moins étudiées. Ceci est dû en partie à leur faible abondance dans l'air (Després *et al.* 2012). Si quelques études les ont détectées dans des fermes d'élevage et des usines de traitements des eaux usées (Nehmé *et al.* 2009; Just *et al.* 2013), leur

abondance est beaucoup plus faible que celle des bactéries (Thorne *et al.* 2016), variant de 10^1 - 10^3 copies de gène de l'ARNr 16S par mètre cube d'air extérieur en milieu urbain (Niu *et al.* 2021).

Les champignons sont retrouvés dans l'air surtout sous forme de spores ou de fragments d'hyphes. Les spores, variant en taille de 2 à 50 µm (Després *et al.* 2012; Madelin et Madelin 2020), sont plus abondantes dans l'air, étant donné qu'il s'agit de leur mode de dispersion. Les plus abondants sont *Cladosporium, Aspergillus, Alternaria* et *Penicillium* (Després *et al.* 2012; Faridi *et al.* 2015; Jo *et al.* 2020; Lacey et Venette 2020). Les composantes structurales des champignons, telles que les ergostérols et le ß-D-glucane, et leurs métabolites, comme les mycotoxines ou les composés organiques volatils microbiens (MCOV) dans l'air, peuvent servir de marqueur environnemental de la croissance fongique (Fischer *et al.* 2000; Douwes 2005; Lau *et al.* 2006; Després *et al.* 2012). Contrairement aux bactéries, la contribution des humains aux champignons retrouvés dans l'air est faible (Adams *et al.* 2014). Leur présence en grandes concentrations dans les bâtiments peut indiquer un problème de dommage lié à l'eau (Heseltine *et al.* 2009; Adams *et al.* 2020), en raison de leur association à des conditions d'humidité relative élevée (Troutt et Levetin 2001; Després *et al.* 2012; Wang *et al.* 2023). Leurs spores peuvent être relâchées dans les environnements secs, lorsque l'humidité est faible et la vitesse de vents élevée (Elbert *et al.* 2007), mais aussi dans les environnements humides, comme lors du crépuscule et de la rosée du matin (Elbert *et al.* 2007), ou lors d'événements de pluie qui peuvent causer un effet de catapulte, relâchant le spore dans l'air (Hassett *et al.* 2015).

Le pollen est un bioaérosol retrouvé dans l'air, provenant des plantes. Ce n'est pas un composé vivant, mais qui sert à la dissémination des végétaux. Sa taille varie entre 10 et 100 µm (Burge et Rogers 2000). Le pollen dans l'air au Canada provient majoritairement de l'herbe à poux, des graminées et des arbres (pin, chêne, hêtre, érable, peuplier, bouleau, etc) (Rogers 1997; Sierra-Heredia *et al.* 2018). Il est un composé allergénique important (D'Amato *et al.* 2007).

1.2 Effets associés à l'exposition aux bioaérosols

La recherche sur les bioaérosols s'est historiquement intéressée aux risques de la présence de microorganismes pathogènes dans l'air intérieur (Burge 1990). Le risque d'exposition aux pathogènes étant un

concept central dans l'étude des bioaérosols, il représente une grande partie des études actuellement publiées. La recherche en aérobiologie a augmenté dans les deux dernières décennies, surtout en raison des risques de pathogènes dans des endroits à forte biomasse dans l'air, comme aux sites de traitement des déchets humains ou animaux. De plus, avec la pandémie de la COVID-19, la communauté scientifique s'est grandement interrogée sur les risques de transmission de pathogènes dans l'air, s'intéressant aux grosses particules (diamètre jusqu'à 10 µm) retrouvées dans les voies respiratoires supérieures (Mack *et al.* 2019; Hinds et Zhu 2022), ainsi qu'aux composés respirables (diamètre <0,1 µm (Mack *et al.* 2019)), qui se retrouvent dans larynx jusqu'aux alvéoles. Une fois dans le corps, les bioaérosols peuvent permettre la transmission de maladies infectieuses, de maladies respiratoires et, dans de rares cas, de cancers (Lacey et Venette 2020), ou contribuer à la modulation de l'immunité et de l'inflammation.

Il n'existe aucune réglementation actuellement concernant l'exposition aux bioaérosols, tant pour la concentration que pour la diversité, en raison de la complexité des communautés. Les lois encadrant actuellement la qualité de l'air, dont la *Loi sur la qualité de l'air* et *la Loi canadienne sur la protection de l'environnement*, concernent majoritairement les émissions de gaz à effet de serre, les émissions de diesel, les VOCs, la matière particulaire et le radon (Government of Canada 2006). La *Loi sur la santé et la sécurité du travail* propose certaines limites pour les travailleurs et travailleuses, dont le traitement des déchets pour lequel on recommande une limite de 10 000 unités formatrices de colonie (UFC)/m^3 (Lavoie *et al.* 2007).

1.2.1 Maladies infectieuses

Les maladies infectieuses surviennent lorsqu'un agent pathogène réussit à contourner toutes les défenses de l'hôte et à se multiplier dans le corps humain (Bach 2002; Kindt *et al.* 2007). Certains milieux sont plus sujets à être une source d'exposition de pathogènes. C'est le cas pour les travailleurs des usines de traitement des eaux usées, où l'on retrouve des bactéries pathogènes comme *E. cloacae*, susceptibles de causer des infections (Lu *et al.* 2020). Les hôpitaux peuvent également abriter des pathogènes potentiels, tels que *Haemophilus influenzae*, *Mycoplasma pneumonia* et *Streptococcus pneumonia* (Habibi *et al.* 2021). L'impact des agents pathogènes a été mis de l'avant lors de la pandémie de COVID-19, causée par virus transmissible

par bioaérosols qui était classé comme la quatrième cause de décès en 2021, au Canada (Government of Canada 2023).

1.2.2 Composés inflammatoires

Les allergènes sont des composés qui induisent une réponse immunogène, c'est-à-dire l'activation du système immunitaire et le recrutement de cellules immunitaires (Kim *et al.* 2018; Cox 2020a; American Academy of Allergy Asthma & Immunology 2024). Les allergènes les plus couramment détectés dans les bâtiments, surtout les résidences privées, sont ceux provenant des chats, des chiens et les acariens (*Dermatophagoides pteronyssinus* et *Dermatophagoides farinae*) (Woodcock et Custovic 1998; Pomés *et al.* 2016). Dans l'air extérieur, le pollen et les spores de moisissures sont les allergènes les plus couramment détectés (Burge et Rogers 2000). Le pollen et les spores de champignons peuvent exacerber les symptômes des maladies respiratoires, telles que l'asthme et les allergies (Mack *et al.* 2019). Le pollen est une importante source d'allergies causant un inconfort chez la personne souffrante (D'Amato *et al.* 2007). Au Canada 27,3 % des Canadiens de plus de 12 ans sont diagnostiqués comme allergique, dont 40,7 % d'entre elles sont associés aux plantes (Statistics Canada 2018). On peut également développer une allergie aux spores de champignon, comme c'est le cas pour *Cladosporium* spp. (Sierra-Heredia *et al.* 2018; Madelin et Madelin 2020).

Les bioaérosols peuvent également causer des réactions pro-inflammatoires lors de la reconnaissance par le système immunitaire. En effet, les endotoxines et les ß(1-3)-glucanes, deux éléments constituant la membrane de certaines bactéries, sont les composés inflammatoires les plus étudiés (Douwes *et al.* 2003), et les endotoxines ont un rôle majeur dans l'inflammation médiée par les bioaérosols (Beutler et Rietschel 2003; Lu *et al.* 2008). Les principales sources d'endotoxines sont les sites de compostages, les fermes et les usines de traitement des eaux usées (Liu *et al.* 2011; Schuijs *et al.* 2015; Møller *et al.* 2025).

Au-delà de l'action pro-inflammatoire de certains composés, d'autres bioaérosols peuvent avoir des propriétés anti-inflammatoires. En effet, certaines bactéries, tel que *Acinetobacter Iwoffi* F78, *Lactococcus lactis* G121 et *Lactobacillus reuteri* CRL1098, diminuent l'inflammation (Debarry *et al.* 2010; Mechoud *et al.*

2012; Stein *et al.* 2017). *A. Iwoffi* F78 et *L. lactis* G121, isolées à partir de poussières d'étable, ont notamment des propriétés protectrices contre les allergies (Debarry *et al.* 2007), en enclenchant la maturation de cellules immunitaires et favorisant la différenciation de lymphocytes T auxiliaire de type 1 aux dépens des lymphocytes T auxiliaires de type II (Debarry *et al.* 2007, 2010).

Des travaux en modèle murin ont également démontré que l'injection de LPS confère une tolérance qui limite le déclenchement de cascades inflammatoires (Stein *et al.* 2017). Chez l'humain, lorsqu'inhalés en forte dose (100 µg), les LPS causent une importante activation des récepteurs du système immunitaire, entrainant la différenciation de lymphocyte T en fonction de la quantité de LPS (Eisenbarth *et al.* 2002). Ce niveau d'exposition est représentatif de l'air sur des fermes, où la concentration en endotoxine peut être élevée, et confèrerait une protection chez les enfants à bas âge grandissant en milieu agricole (Ehrenstein *et al.* 2000; von Mutius *et al.* 2000; Braun-Fahrländer *et al.* 2002; Ege *et al.* 2011; Gerretsen et Schuijs 2022). De plus, la diversité microbienne dans l'air et l'environnement serait inversement corrélée aux risques de l'asthme entre les enfants élevés à la ferme et un groupe de référence (Ege *et al.* 2011), et l'exposition à la poussière en milieu agricole entrainant un microbiome intestinal plus diversifié plus diversifié chez l'enfant (Depner *et al.* 2020). La maturation du microbiome et la diminution de l'inflammation peuvent ainsi être attribuées à l'exposition à certains types de bioaérosols.

De plus, selon l'hypothèse des Vieux Amis, le contact entre les humains et le microbiome diversifié de l'environnement serait bénéfique pour le microbiome humain (Rook *et al.* 2014). D'autres hypothèses ont également été émises, dont l'hypothèse du réensauvagement du microbiome, *Microbiome Rewilding Hypothesis*, qui soutient que la restauration d'espaces verts dans les endroits urbanisés permettrait de restaurer le microbiome des environnements naturels et d'offrir une protection immunitaire aux personnes vivant à proximité (Mills *et al.* 2017). Une restauration des espaces verts augmente la diversité des bactéries telluriques avec le temps (Gellie *et al.* 2017). Une amélioration de la biodiversité dans le microbiome du sol engendre une exposition plus diversifiée aux microorganismes environnementaux chez les humains fréquentant les zones de végétalisation (Selway *et al.* 2020).

1.3 Échantillonnage

Il n'existe aucune méthode unique dans la littérature pour l'échantillonnage des bioaérosols, et la méthode choisie dépend du milieu et de la question de recherche (Cox et Wathes 2020). Dans les milieux à forte concentration de particules dans l'air, comme les fermes d'élevage, les installations de compostage et les usines de traitement des eaux usées, la déposition ou un petit volume d'air est suffisant pour caractériser la composition de bioaérosols, contrairement aux endroits à faible concentration, comme les hôpitaux, les cliniques dentaires et l'air extérieur (Dybwad *et al.* 2014; Thorne *et al.* 2016). Les endroits vastes et bien ventilés nécessitent un échantillonnage de grand volume pour contrer l'effet de la ventilation et pour avoir suffisamment de biomasse pour caractériser les bioaérosols (Dybwad *et al.* 2014). Il existe deux principaux types d'échantillonnage : les collectes passives et actives (Haig *et al.* 2016). Les collectes dites passives dépendent entièrement de la gravité pour récolter les bioaérosols dans l'air. Il suffit de placer une plaque contenant un substrat pour que les bioaérosols puissent être capturés une fois déposés sur la surface adhésive de la plaque (Haig *et al.* 2016; Clancy *et al.* 2025). Ces techniques sont moins couteuses et plus faciles d'accès, et permettent la mise en culture des microorganismes et l'analyse de leur viabilité. Toutefois, elles induisent une sous-représentation de la communauté environnementale, en raison du biais de sélection du milieu de culture, qui ne conviendra pas à tous les organismes de l'aérobiome (Staley et Konopka 1985). Pour étudier plusieurs microorganismes de manière simultanée (comme une communauté), les techniques moléculaires sont utilisées pour contourner ces limitations techniques (voir section 1.3.1).

Les méthodes d'échantillonnage actives peuvent être utilisées tant en vue de la mise en culture que pour l'utilisation de techniques moléculaires. L'échantillonnage actif implique l'utilisation d'appareils possédant une pompe qui produit un courant d'air via l'entrée de l'appareil, conduisant à un médium de collecte (Haig *et al.* 2016). L'échantillonnage dépend de l'inertie de la particule, c'est-à-dire que la particule conserve sa vitesse dans un mouvement rectiligne à moins de rencontrer un obstacle ou une force qui la freine (Haig *et al.* 2016). Les gammes de taille de particules échantillonnées varient entre les appareils d'échantillonnage. Les trois types de médium de collecte sont l'agar, le filtre et le liquide (Haig *et al.* 2016). Les échantillonneurs liquides ou d'agar permettent une meilleure viabilité des microorganismes (Dybwad *et al.* 2014). Les échantillonneurs qui utilisent du liquide comme médium sont les « *impingers* » et les cyclones, dont les particules se retrouvent

impactées dans le liquide (Stetzenbach *et al.* 2004; Haig *et al.* 2016; Mbareche *et al.* 2018). Les échantillonneurs qui utilisent l'agar sont des impacteurs et les filtres sont utilisés avec des appareils qui effectuent la filtration (Kim *et al.* 2018). Les médiums de collecte sur filtre se font par des appareils qui utilisent les techniques de précipitation électrostatique (Haig *et al.* 2016; Mbareche *et al.* 2018).

1.3.1 Caractérisation de l'aérobiome

Une proportion limitée des bioaérosols peuvent être identifiés via la culture microbienne (Staley et Konopka 1985) lorsqu'on souhaite étudier des espèces précises de bactéries susceptibles d'être présentes dans l'air échantillonné (Fang *et al.* 2007; Heinonen-Tanski *et al.* 2009). Beaucoup d'études ont utilisé des échantillonneurs sur média de culture, comme le Andersen N-6 Single Stage Microbial Samplers (Duchaine *et al.* 2000; Reynolds *et al.* 2001). Les échantillons provenant des échantillonneurs liquides peuvent également être déposés sur un milieu de culture (Brandi *et al.* 2000 ; Heinonen-Tanski *et al.* 2009). La mise en culture permet de déterminer ce qui est viable dans l'air ou détecter la présence d'un groupe taxonomique précis (Gatta *et al.* 2025). La microscopie peut également être utilisée pour identifier les champignons et le pollen selon leurs caractéristiques morphologiques ou pour en faire le dénombrement (Salmaki *et al.* 2008 ; Oliveira *et al.* 2009 ; Jiang et Yan 2022). Cependant, ces méthodes sont exigeantes en termes de main-d'œuvre, comparativement aux approches moléculaires, basées sur l'ADN. De plus, elles sont de moins en moins utilisées. En ciblant un gène universel, il est possible de décrire de manière exhaustive la composition taxonomique des grands groupes de microorganismes. Chez les bactéries, les régions hypervariables du gène de l'ARNr 16S sont typiquement ciblées (Woese *et al.* 1975; Fox *et al.* 1977), alors que les ITS sont ciblés chez les champignons (Schoch *et al.* 2012), et le *trnL* pour le pollen (Poirier *et al.* 2026). Ces régions hautement conservées dans les génomes microbiens sont ciblées par des amorces, permettant l'amplification des régions d'intérêt ou l'identification. Le séquençage de la région cible suivi d'un traitement bio-informatique peut ensuite permettre l'identification des taxons, grâce à des bases de données génomiques de référence. L'utilisation de la génomique pour identifier les espèces peut permettre de contourner les défis associés à l'identification des champignons basée sur la morphologie (Begerow *et al.* 2010). Elle comporte cependant quelques défis techniques (Mbareche *et al.* 2017), soit le choix des amorces, qui dépend des microorganismes étudiés et du type d'échantillons (Wasimuddin *et al.* 2020) et peut influencer la richesse spécifique retrouvée dans les échantillons. La complétude des bases de

données également peut limiter la capacité d'identification de certains groupes moins bien caractérisés. Le gène ITS a une longueur variable, ce qui complique les analyses bio-informatiques, et beaucoup de défis sur ce côté reste à élucider pour s'assurer que l'identification à l'espèce est appropriée, puisqu'au sein de certains genres comme *Aspergillus*, il existe peu de différences dans la séquence nucléotidique de ce gène chez plusieurs espèces différentes (Schoch *et al.* 2012).

En résumé, les bioaérosols comprennent un amalgame de composés très diversifiés dont les dynamiques varient grandement aux échelles temporelles et spatiales. L'exposition à ceux-ci fluctue d'un milieu à un autre et peut engendrer des répercussions sur la santé humaine. Une modification du territoire ou d'un milieu entraine un changement dans l'exposition à laquelle les humains sont confrontés. Par conséquent, l'étude de leur composition et de leur comportement est de plus en plus investiguées.

1.4 Urbanisation

L'urbanisation est un phénomène relativement récent qui a mené à une augmentation du nombre d'habitants des villes comparativement à la campagne (Ritchie *et al.* 2018). En 2024, environ 58 % de la population mondiale habitait dans les centres urbains (United Nations 2025). L'urbanisation a permis d'augmenter la croissance économique et l'accès aux services en centralisant les infrastructures. Cependant, cet accroissement de la densité a accru les risques d'épidémie en favorisant la transmission de maladies infectieuses, mais compromet aussi la qualité de l'air via une plus grande concentration de polluants dans l'air (Reyes *et al.* 2012; Rook *et al.* 2014). Une modification de l'utilisation du territoire par l'urbanisation, ce qui inclut l'agriculture intensive et la déforestation, entraîne un changement dans les communautés du sol, ce qui affecte celles de l'air (Wall *et al.* 2015).

Les zones commerciales et les zones végétalisées contiennent une grande concentration en bioaérosols, contrairement aux zones résidentielles (Balyan *et al.* 2020). Le trafic routier est également une source importante de bioaérosols dans l'air (Fang *et al.* 2007). De plus, la pollution accroit la matière particulaire dans l'air, qui peut agir comme surface d'adhésion pour les bactéries et augmenter la biomasse bactérienne dans l'air (Amarasekara *et al.* 2021; Ziaei *et al.* 2025). Flies *et al.* 2020a ont effectué une revue de littérature systématique

comparant les milieux urbains et ruraux, et ont trouvé que l'aérobiome de l'environnement urbain avait tendance à être moins diversifié, et avec une moins grande abondance de bioaérosols bactériens et fongiques que le milieu rural. À l'inverse, une étude de 2016 a détecté une plus grande concentration en glucane fongique dans les sites urbanisés comparés aux sites ruraux (Rathnayake *et al.* 2016). Le même constat a été détecté entre les sites urbains et non urbains par Gallego-Cartagena *et al.* 2025. Les observations entre sites urbains et semi-urbains ou ruraux varient ainsi dans la littérature. Les différences observées entre les zones urbanisées et rurales montrent que l'utilisation du territoire affecte non seulement l'abondance des micro-organismes de l'aérobiome, mais également leur diversité.

Les zones urbaines ont généralement un couvert végétal d'origine diminué malgré son influence majeure sur l'aérobiome, en raison de l'implantation d'infrastructures sur le territoire. Cependant, le développement de parcs urbains et zones vertes en milieu urbain est de plus en plus fréquent (Mhuireach *et al.* 2016). Toutefois, les zones de végétalisation, selon leur couvert végétal, n'ont pas les mêmes niveaux de diversité microbienne. Selon Robinson *et al.* 2021, les habitats de broussaille avec plusieurs petits arbustes entrainent une plus grande diversité bactérienne dans l'air, contrairement aux prairies et au sol nu. Une plus grande complexité végétale permet d'augmenter la biodiversité dans l'aérobiome (Robinson *et al.* 2021). L'aménagement d'espaces verts dans les centres urbains permettrait d'augmenter et d'entrainer un changement de la diversité et l'abondance des microorganismes (Selway *et al.* 2020). Ce changement diminue l'abondance des microorganismes associés à l'humain et augmente la fréquence d'organismes rares et de microorganismes associés au sol ou à la phyllosphère. L'exposition à ces espaces entraine une augmentation de la diversité microbienne dans l'air (Mhuireach *et al.* 2016). Cela aurait alors des retombées positives pour les individus occupant le territoire, selon le paradigme qu'un aérobiome diversifié serait bénéfique pour la santé humaine (Mills *et al.* 2017; Robinson et Breed 2023; Breed *et al.* 2025).

Les bioaérosols sont bien caractérisés dans les milieux à haut risque pour la santé des travailleurs et travailleuses (Duchaine *et al.* 2000; Bonifait *et al.* 2014; Lymperopoulou *et al.* 2016; Pilote *et al.* 2019; White *et al.* 2019; Bergeron *et al.* 2024). Cependant, les lieux les plus fréquentés au quotidien sont peu étudiés. Récemment, il y a une augmentation de l'intérêt pour l'étude de l'aérobiologie dans les espaces ayant une

fréquentation d'occupation quotidienne élevée, comme les écoles, garderies, résidences privées et édifices à bureaux. Les milieux intérieurs sont influencés par la ventilation, l'occupation humaine, l'air extérieur, les matériaux et les activités qui s'y déroule (Kalogerakis *et al.* 2005; Meadow *et al.* 2014; Nazaroff 2016; Argyropoulos *et al.* 2023). L'air à l'intérieur de résidences et milieux scolaires sont souvent caractérisés par des genres bactériens tels que *Acinetobacter*, *Staphylococcus*, *Corynebacterium*, *Sphingomonas*, *Micrococcus* et *Streptococcus* (Rintala *et al.* 2008; Meadow *et al.* 2014; Lee *et al.* 2020). Les principaux genres fongiques retrouvés sont *Cladosporium*, *Penicillium* et *Aspergillus* (Reynolds *et al.* 2001; Faridi *et al*. 2015). Dans ces lieux, les individus sont en contact continu avec les bioaérosols. L'aérobiome de ces espaces est modulée par l'occupation humaine, mais aussi par l'air extérieur qui influence celle intérieure (Kalogerakis *et al.* 2005; Meadow *et al.* 2014; Adams *et al.* 2015). Ainsi, une modification de l'aérobiome extérieur peut impacter celui à l'intérieur des bâtiments. Les bioaérosols de l'air extérieur varient selon les sources d'émissions, et sont donc fortement influencés par l'utilisation du territoire (Balyan *et al.* 2020). L'aérobiome extérieur des villes est peu étudié et pourtant, cela peut affecter différemment les populations qui y habitent.

1.5 Objectifs et hypothèses

Ce projet s'intéresse à la caractérisation des communautés microbiennes de bioaérosols de deux villes canadiennes à degré d'urbanisation contrasté. **Notre objectif est de comparer les communautés microbiennes des bioaérosols entre l'air intérieur et extérieur d'une ville, et de comparer l'abondance et la diversité en bioaérosols entre l'air extérieur des deux villes à l'étude**. Nos hypothèses sont que :

- L'air intérieur aura une plus grande abondance bactérienne en raison de la concentration des activités humaines. Cependant, la diversité taxonomique sera plus élevée à l'extérieur en raison des sources d'émissions variées.
- L'abondance bactérienne sera plus élevée dans la ville à haut degré d'urbanisation en raison d'une plus grande densité de population, qui induit plus de trafic routier et de matière particulaire dans l'air, ainsi que d'une végétalisation plus faible.

- La diversité bactérienne et fongique sera différente entre les deux villes, modulée par les sources d'émissions. La composition des bioaérosols entre les deux villes sera également différente, en raison du degré d'urbanisation.

La qPCR permettra de mesurer l'abondance bactérienne via le gène de l'ARN ribosomal (ARNr) *16S.* Le séquençage par amplicon du gène de l'ARNr *16S* ainsi que l'intron *ITS2* seront utilisés pour identifier les bactéries et champignons présents dans l'air des deux villes à l'étude. Les résultats de ce projet de recherche contribueront à mieux comprendre l'aérobiome et la qualité de l'air en milieu urbain, et dans un contexte d'exposition quotidienne. Les retombées du projet permettront de mettre en lumière l'impact de l'utilisation du territoire sur la composition des communautés, mais aussi l'effet de l'urbanisation sur les bioaérosols.

1.6 Méthodologie

Deux régions urbaines canadiennes ont été échantillonnées : Scarborough (ON) et Chicoutimi (QC). L'échantillonnage de l'air extérieur s'est déroulé en 2023, 2024 et 2025, à l'aide d'un SASS4100 *Two-Stage Aerosol Collector* (Research International, Monroe, WA, É-U). L'échantillonnage de l'air intérieur s'est déroulé en 2023 et 2024, avec un SASS2300 *Wetted-Wall Air Sampler* (Research International, Monroe, WA, É-U). L'abondance des bactéries a été quantifiée par qPCR en ciblant le gène de l'ARNr *16S*. La composition des communautés de l'aérobiome a été analysée par séquençage du gène de l'ARNr *16S* pour les bactéries, et de l'intron ITS pour les champignons. La taxonomie des microorganismes a été identifiée via des analyses bio-informatiques, appuyées par des bases de données génomiques publiques. Des approches statistiques ont été employées pour comparer l'abondance des bactéries et la diversité bactérienne et fongique entre l'air intérieur et extérieur, ainsi que pour comparer les variables environnementales.

CHAPITRE 2

CHARACTERIZATION OF BIOAEROSOLS OF TWO URBAN AREAS IN CANADA WITH DISTINCT URBANIZATION LEVELS

2.1 Introduction

Bioaerosols are biogenic compounds, such as microorganisms and their fragments, pollen and viruses, and are one of the main of atmospheric particulate matter. They can originate from natural sources, such as vegetation, wave action, soils and animals (Lindemann *et al.* 1982; Burrows *et al.* 2009; Walls *et al.* 2014; Xie *et al.* 2021a). Major anthropogenic sources of bioaerosols include farms, wastewater treatment plants, landfill sites and industrial activities (Brandi *et al.* 2000; White *et al.* 2019; Mbareche *et al.* 2022; Yang *et al.* 2022). Bioaerosols become airborne through the physical disruption of liquid or solid surfaces by wind, waves or mechanical action. They can be attached to particulate matter (PM) or in droplets (Lighthart 1994; Alsved *et al.* 2020). Once in the air, bioaerosols are dispersed via atmospheric airflow (Pepper et Gerba 2015). Depending on their size and local environmental conditions, they can travel short or long distances (Dowd et Maier 2000). Bioaerosols are omnipresent in the air, and human populations are continuously exposed to them.

Most studies have focused on bioaerosols effects on worker health in high-risk environments, such as farms and wastewater treatment facilities (White *et al.* 2019; Lu *et al.* 2020; Amin *et al.* 2022; Mbareche *et al.* 2022). However, humans are constantly exposed to bioaerosols, which can negatively impact human health, either as vectors for pathogens or allergens. Individuals with immune-related diseases such as asthma may experience exacerbated symptoms after exposition to triggering microbes (Ross *et al.* 2000a). On the other hand, some studies have shown that the rural aerobiome benefits health through immunoregulation (Debarry *et al.* 2007; Depner *et al.* 2020; Flies *et al.* 2020a; Robinson et Breed 2023). Due to the complexity and diversity of airborne communities, no specific legislation currently exists for bioaerosol exposure. Most legislation about air quality, like Canada's Clean Air Act, is focused on greenhouse gases, diesel emissions, volatile organic compounds (VOCs), PM and radon (Government of Canada 2006). Bioaerosols are not currently considered in legislation. Pollen is the only bioaerosol parameter measures continuously and easily accessible via live map (IQair 2026).

Activities such as agriculture and urbanization can modify the composition of soil communities (Tsiafouli *et al.* 2015; Li *et al.* 2023), which are closely linked to those of bioaerosols. Indeed, a reduction in soil biodiversity can negatively impact the aerobiome (Wall *et al.* 2015). Urban aerial microbiomes are known to be less abundant and less diverse than rural sites (Shaffer et Lighthart 1997; Després *et al.* 2007; Flies *et al.* 2020b, 2020a). Furthermore, industrial and commercial sites in India have been found to produce more bacterial and fungal bioaerosols than vegetated and residential areas (Balyan *et al.* 2020). Furthermore, Bowers *et al.* 2011b found a significant shift in bacterial community composition across land-use types, which can vary within or between cities. All these have an impact on the aerial microbial community, with poorly understood consequences for urban residents.

Few studies have explored bioaerosols in everyday environments, such as schools or offices, which account for a significant portion of daily exposure. Indoor air is different than outdoor air but is nonetheless influenced by the exterior environment through ventilation. Many studies have shown that outdoor air, along with human occupancy, are key contributors to indoor air composition (Frankel *et al.* 2012; Meadow *et al.* 2014; Adams *et al.* 2015). Humans, via coughing, speaking and walking, produce bioaerosols, and greater population densities in the in-built environment lead to an increase in bioaerosol concentrations (Spendlove et Fannin 1983; Edwards *et al.* 2004; Chen *et al.* 2009). Ventilation also has a significant impact on airborne microbes, as it can bring microorganisms from outdoors, or lower their concentration through flushing (Meadow *et al.* 2014).

This study aims to compare the bacterial and fungal air microbiomes of Scarborough (Toronto, ON, Canada) and Chicoutimi (Saguenay, QC, Canada) and assessed how outdoor communities impact indoor air bioaerosol composition. Specifically, we characterized bacterial and fungal communities between both cities and bacterial communities between indoor and outdoor settings in Chicoutimi, using amplicon sequencing of marker genes and quantitative PCR (qPCR).

2.2 Methods

2.2.1 Sampling location

The study was conducted in two Canadian urban areas: Scarborough in Toronto, Ontario , which is an urban area with a population of 629,941 (Government of Canada 2022), and Chicoutimi in Saguenay, Quebec, which has a population of 68,652 inhabitants and is considered a mid-sized urban area (Ville de Saguenay 2023). Population density is higher in Scarborough, between 2,500 and 10,000 inhabitant/km^2, compared to Chicoutimi, between 750 and 2,000 inhabitants/km^2 (Government of Canada 2022). Scarborough is an administrative district of Toronto, approximately 20 km from the city center. It is characterized by high road transportation and multiple industrial zones, including shopping centers, general manufacturing and food processing (Sorensen et Hess 2015; Wingman 2023), along with residential neighbourhoods. In Chicoutimi, a central borough of Saguenay, the surrounding landscape is mostly forested, and approximately 46% of the population resides near a highly vegetated area (Robitaille 2011), with the forestry industry playing a significant role in the local economy (Promotion Saguenay s.d.). Agricultural and mining activities are present in the region, which is home to a major aluminum plant. Chicoutimi is mostly residential neighbourhoods, with a main road bordered by large, low-rise buildings (Demuzere *et al.* 2022).

Four sites in Scarborough located near the University of Toronto Scarborough (43°47'08"N 79°11'19"W) were selected for the present study (Figure 1). In Chicoutimi, six sampling sites were selected near the Université du Québec à Chicoutimi (48°25'09"N 71°03'06"W). Meteorological conditions (temperature, wind speed and relative humidity) for 2023, 2024 and 2025 were obtained using Environment Canada's Toronto City Center and Bagotville A stations during the time of the sampling (Governement of Canada 2026), located at a maximum of 25 km from sampling sites. In addition to the outdoor sampling, indoor samples were collected in

Chicoutimi, on the university campus (cafeteria and research facilities) and from three residences, at a maximum of 17 km from the university. Sample size for each site is shown in Supplementary Table S1.



FIGURE 1: Spatial distribution of sampling sites in Chicoutimi and Scarborough.

2.2.2 Air sampling

Sampling was conducted for one hour, one meter above ground level, using the SASS 4100 Two-Stage Aerosol Collector (4,000 L/min) (Research International, Monroe, WA, USA) with standard bioaerosol electret filters (n = 64). A volume of 240 m^3 of air was sampled. Before each sampling, the system was primed for 10 min with a blank filter to limit carry over between samples. Samples were collected between May and July 2023, 2024, and 2025. Filters were stored in sealed bags at -20 °C until extraction. Bioaerosols were extracted into a liquid medium using the SASS 3010 Particle Extractor (Research International, Monroe, WA, USA) in a biosafety cabinet using with a buffer solution (100 mL sodium phosphate (10 mM), with a pH of 7.4, 8.06 g of sodium chloride (138 mM), 0.20 g of potassium chloride (2.7 mM), 1 g of sodium azide (< 0.1 %) and 0.5 g of Triton X-100 (0.05 %)). A volume of 7.5-9 mL was recovered from each sample into a sterile polypropylene tube. Contrad detergent (1/16 dilution) (Fisher Scientific, Nepean, ON, Canada) was used before beginning extraction and Tween 0.0025% was used for cleaning between each filter. A sterile, blank filter was used to prime the extraction system prior to bioaerosol extraction.

Indoor bioaerosols were collected using the SASS 2300 Wetted-Wall Air Sampler (300 L/min) (Research International, Monroe, WA, USA) with 1.1 L of autoclaved water placed in the reservoir. The sampling device was placed at a height of 1 meter, and all doors and windows remained closed during sampling (n = 32). Sampling was conducted for 60 -180 min (18 – 54 m^3 of air sampled) to determine optimal sampling durations for yield. Before each sampling, the cleaning cycle was activated. Once sampling was complete, 4 mL of liquid sample was collected in a sample vial. Water in the reservoir was changed between each sampling. Indoor samples were collected between January and June in 2023 and between June and July in 2024. Sample vials were stored at –20 °C until further analysis. Different sampling devices were used for both environments to have a more appropriate sampling volume for indoor and outdoor air. Manufacturers recommend the use of SASS4100 in very low concentrations of target aerosols (such as outdoor air), whereas SASS2300 is advised in indoor applications.

2.2.3 DNA extraction

Prior to DNA extraction, samples were individually concentrated in Amicon Ultra-15 Centrifugal 100 kDa filter units (Sigma-Aldrich, Saint-Louis, MO, USA) and centrifuged for 5 minutes at 3,200 g. Approximately 140 µL of concentrated bioaerosols was recovered for each sample and used for DNA extraction. DNA extraction was performed in a biosafety cabinet using the DNeasy PowerSoil Pro Kit (QIAGEN, Hilden, Germany) following the manufacturer's instructions. In the first step, 140 µL was transferred to the PowerBead tubes. DNA extract was eluted in 50 µL and quantified using 1x dsDNA High sensitivity kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) with a Qubit 4. Most sample yields were below the detection limit (0.005 ng/µL). The quality of extracted DNA was measured with a Nanodrop spectrometer (Nanodrop 200, Thermo Scientific, Waltham, MA, USA) using the 260/280 nm absorbance ratio. Negative controls were extracted in parallel to confirm the absence of contamination during DNA extractions.

2.2.4 qPCR analyses

Total bacterial biomass was determined by qPCR of the 16S rRNA gene, using the probe and primers used by Bach *et al.* 2002. Amplifications were performed with a Bio-Rad CFX-384 Touch Real-Time PCR detection System with CFX Maestro 5.3.022.1030 software (Bio-Rad, Montreal, CA). Master mix was prepared according to St-Germain *et al.* 2024, and amplifications were performed as follows: 95 °C for 3 min, 40 cycles at 95 °C for 20 sec and 62 °C for 1 min with the plate read step. Triplicate qPCR reactions were conducted for each sample. Results were considered valid and retained for further analyses if the standard curves, made with standard positive DNA, had 90-110% reaction efficiency for each plate (Taylor *et al.* 2019). Negative template controls were placed on each plate. Samples with no fluorescence were removed, as were samples with more than 2-cycle differences between replicates and samples with negative values. Quantitative cycle values were transformed to copy numbers by meter cube for each sample, using a blank filter. A $\log_{10}(x) +1$ transformation was applied.

2.2.5 Sequencing and analyses

Library preparation and AVITI-based amplicon sequencing were performed on 15 µL of DNA for the V3-V4 region of 16S rRNA bacterial gene and for ITS2 intron for fungi (*Plateforme d'analyses génomiques*, IBIS, Université Laval, Quebec City, Canada). Samples were sequenced with one technical replicate per run, with a targeted sequencing depth of 79,365 reads per sample for the first bacterial sequencing run, 250,000 reads per sample for the second bacterial run and 129,870 reads per sample for fungal sequencing. Library preparation was performed using a two-step dual-indexed PCR protocol approach. The first PCR used the sequence-specific regions described by Klindworth *et al.* 2013 for 16S V3-V4 regions and Tedersoo *et al.* 2015 for ITS region. Reactions (25 µL) contained 1× Q5 buffer (New England Biolabs, Ipswich, MA, USA), 0.25 µM of each primer, 200 µM dNTPs, 1 U Q5 High-Fidelity DNA polymerase (New England Biolabs), and 1 µL template DNA. Amplifications were performed as follows : 98 °C for 30 sec, followed by 35 cycles of 98 °C for 10 sec, 55°C for 10 sec, and 72 °C for 30 sec, with a final 72 °C for 2 min. Products were amplified using Axygen PCR cleanup kit (Axygen Scientific, Union city, CA, USA). Dilution of 50-100x was done on purified products as a template for the second PCR. Amplifications were identical as the first PCR but for 12 cycles. Products were purified and verified on DNA7500 Bioanalyzer chip (Agilent, Santa Clara, CA, USA) and

quantified by spectrophotometry using Spark 10M (Tecan, Mannedorf, Switzerland). Barcoded amplicons were pooled for sequencing on the Element Biosciences AVITI (Element Biosciences, San Diego, CA, USA). Amplicons of 2 x 300 bp paired-end were obtained. Primer sequences are reported in Supplementary Table S2.

All bioinformatics analyses were performed in R 4.5.1 (R Core Team 2025) using R Studio 2026.1.1.403 (Posit team 2026). Sequencing of 16S produced 16,845,235 reads for 93 samples across two sequencing runs, and 7,321,929 reads for 70 ITS samples, from a single run. Each run also included five controls, a filter blank, an extraction blank and three field blanks. Primers were removed via cutadapt 5.1 (Martin 2011). All 16S and ITS reads underwent quality control, chimera removal, amplicon sequencing variants (ASV) and taxonomic assignment with *DADA2* version 1.36.0 (Callahan *et al.* 2016).

As bacterial samples were sequenced in two different runs, we attempted to detect a potential batch effect, which could have driven differences between both runs, using an ordination and a PERMANOVA test. Differences in the number of reads were observed between sequencing runs (Supplementary Figure S1) (mean reads run 1 = 79,554.1; mean reads run two = 189,618.6; W = 74; p-value = 2.3×10^{-15}). The samples seemed to cluster according to sequencing batch (Supplementary Figure S2). This could reflect technical variations between sequencing run or environmental shifts. We decided to subsample at 80,000 reads to counter this effect. However, the effect persisted even after subsampling, leading us to conclude that this may be attributable to environmental factors, which also varied significantly between sampling years (years 2023 and 2024 in run 1 and year 2025 in run two). Therefore, we decided to include all the reads to ensure comprehensive data analysis.

Bacterial reads were trimmed according to the quality profile: forward and reverse reads were truncated at a lower limit of 250 bp (maxN= 0, truncQ = 2) for both runs. Sequence tables from both 16S sequencing runs were combined before chimera removal. Chimera sequences were removed using the 'consensus' methods after denoising and merging. Taxonomic assignments were performed against the SILVA v138.2 (Quast *et al.* 2013) database, using default parameters (*minBoot* = 50). Species assignment for bacteria was conducted on the Nibi server (Digital Research Alliance of Canada). For fungal sequences, parameters for filterAndTrim function were maxEE (2,2), truncQ = 2 and minLen = 100. Merging forward and reverse sequences for fungus was

different than for bacteria. Sequences which failed to merge were concatenated with a 10-N spacer instead of being discarded to maximize sequence recovery. Chimera sequences were removed using the 'consensus' methods after denoising and merging. Taxonomic assignments were performed against the UNITE version 19.02.2025 (Abarenkov *et al.* 2024) database.

For both 16S and ITS reads, the *phyloseq* package v1.52.0 (McMurdie et Holmes 2013) was used for data analysis and the *ggplot2* package v3.5.2 (Wickham 2016) for data visualization. Samples with fewer than 10,000 reads were removed due to lower reads count. The *decontam* package version 1.28.0 was used to identify contaminants using the 'frequency' method, but none were detected (Davis *et al.* 2018). ASVs assigned to chloroplast (27.12 % of total reads count) and mitochondria (1.80 % of total reads count) were removed. Reads counts throughout the analysis pipeline are shown in Supplementary Tables 3-4. Mean sequence counts per sample were 92,481 and 105,044 for 16S and ITS, respectively. A total of 6,633 and 15,762 ASVs were identified for bacteria and fungi respectively. Following this pipeline, 79 samples remained for 16S analyses, and 54 samples for ITS analyses. Indoor samples for fungi were all excluded due to low reads count or low quality.

The core bacterial and fungal microbiomes, for urban areas and environment, were identified as ASVs with a minimal prevalence of 75% and a minimal relative abundance of 1% in each sample with *microbiome* package version 1.31.1 (Lahti et Shetty 2012). These thresholds were based on the distribution of ASV prevalence.

2.2.6 Statistical analysis

All statistical analyses were performed with R version 4.5.1. To assess total bacterial abundance from qPCR data, gene copy numbers per cubic meter were compared to determine whether significant differences existed between urban areas and environmental contexts using a t-test, as the normality assumption (tested with Shapiro-Wilk) was satisfied. Spearman correlations were used to compare total bacterial abundance according to environmental factors (temperature, relative humidity and wind speed), as the assumption of normality was not met using Shapiro-Wilk test, for outdoor samples. T-tests were performed to compare total bacterial

abundance between urban zones and between indoor and outdoor air of Chicoutimi, as data followed a normal distribution.

Prior to diversity analyses, the bacterial phyloseq object underwent rarefaction using *rarefy_even_depth* function at 14,000 sequences and 10,756 sequences for fungi (Supplementary Figure S3). The Shannon index was then measured with *estimate_richness* function from v*egan* package v2.6-10 (Oksanen *et al.* 2024). The Shannon index was selected because of its widespread use in bioaerosol studies, facilitating comparison with other studies. As the assumption of normality was not met with the Shapiro-Wilk test, non-parametric Spearman correlations were used to compare bacterial diversity and fungal diversity according to environmental data (temperature, relative humidity and wind speed) for outdoor samples. T-tests were performed to compare Shannon index between urban areas, as data were normally distributed. Shannon index for indoor and outdoor air samples from Chicoutimi were not normally distributed and were therefore compared using a Wilcoxon test. PERMANOVAs with 999 permutations were performed on Bray-Curtis dissimilarity matrices with a *variance stabilizing transformation* (VST) using the *adonis2* and *vegdist* functions from *vegan* v2.6-10. As the VST transformation produced negative values, they were replaced by zero before calculating the dissimilarity matrix. Applying a Hellinger transformation with +1 pseudocount to the chimera-free sequence table before creating a new phyloseq objet produced consistent results. Within-group dispersions were also verified using *betadispr* function. A Principal Coordinates Analysis (PCoA) with the *wcmdscale* function was performed to visualize the difference between microbial communities between samples with the *ordinate* function in *phyloseq*, on Bray-Curtis dissimilarity matrices.

The Analysis of Composition of Microbiomes with Bias Correction (ANCOM-BC2) tool was used to identify differentially abundant taxa between cities. The *ANCOMBC* package version 2.10.1 was used to run the *ancombc2* function (Lin et Peddada 2020). The formula used was environment or urban zones and the analysis was conducted at the genus and family level. Taxa with less than 0.05 in prevalence were excluded from this analysis.

2.3 Results

2.3.1 Effects of environmental variables on outdoor air microbiome

Significant differences were observed for environmental factors between the sampling years and between the sequencing runs (Supplementary Figure S4). Samples collected in 2023 and 2024 were sent in the first sequencing run, while those collected in 2025 were sent in a second run (Supplementary Figure S1). All environmental metrics (temperature, relative humidity and wind speed) were different between 2024 and 2025 (Supplementary Figure S4). Wind speed was two times faster in 2025 compared to 2023 and 2024 (mean = 18.4 ± 7.0 km/h; Kruskal-Wallis chi-squared = 20.3; $p < 0.001$). Temperature and relative humidity were higher in 2024 compared to 2025 and 2023 (mean = 21.3 ± 4.7 ºC; Kruskal-Wallis chi-squared = 9.7; $p = 0.007$ and mean = 70.1 ± 15.0 %; Kruskal-Wallis chi-squared = 7.9; p-value = 0.02 respectively). As for samples which were part of the second sequencing run, sampling occurred during days of greater wind speed (mean = 18.4 ± 7.0 km/h; $W = 111$; $p < 0.001$). As for difference in environmental conditions between sequencing batch, temperature ($W = 580.5$; $p = 0.002$) and relative humidity ($W = 534$; $p = 0.019$) were both significantly higher for the first sequencing batch.

We also observed a significant difference in temperature and wind speed between urban areas. Temperature was significantly higher (mean = 20.7 ± 3.5 ºC; $t = 3.6$; $p < 0.001$) between Chicoutimi and Scarborough (Supplementary Figure S5). Wind speed was significantly higher in Scarborough, in contrast with Chicoutimi (mean = 18.5 ± 6.2 km/h and mean =12 ± 7.7 km/h; $W = 195.5$; $p < 0.001$). Mean and standard derivation of each environmental data are presented in Supplementary Table S5.

Total bacterial abundance and bacterial Shannon index values were positively correlated to wind ($R = 0.45$; $p < 0.001$ and $R = 0.33$; $p = 0.03$ respectively) (Figure 2A-B). Total bacterial abundance, obtained by qPCR, was negatively correlated to temperature ($R = -0.32$; $p = 0.014$). No correlation was discovered between relative humidity and bacterial metrics. In addition, no relationship was uncovered between Shannon index and temperature. Wind speed showed the highest R^2 among all variables tested for abundance and alpha diversity, explained the highest proportion of variance. Fungal diversity as measured using the Shannon index was not correlated to any measured environmental variable (Figure 2C).

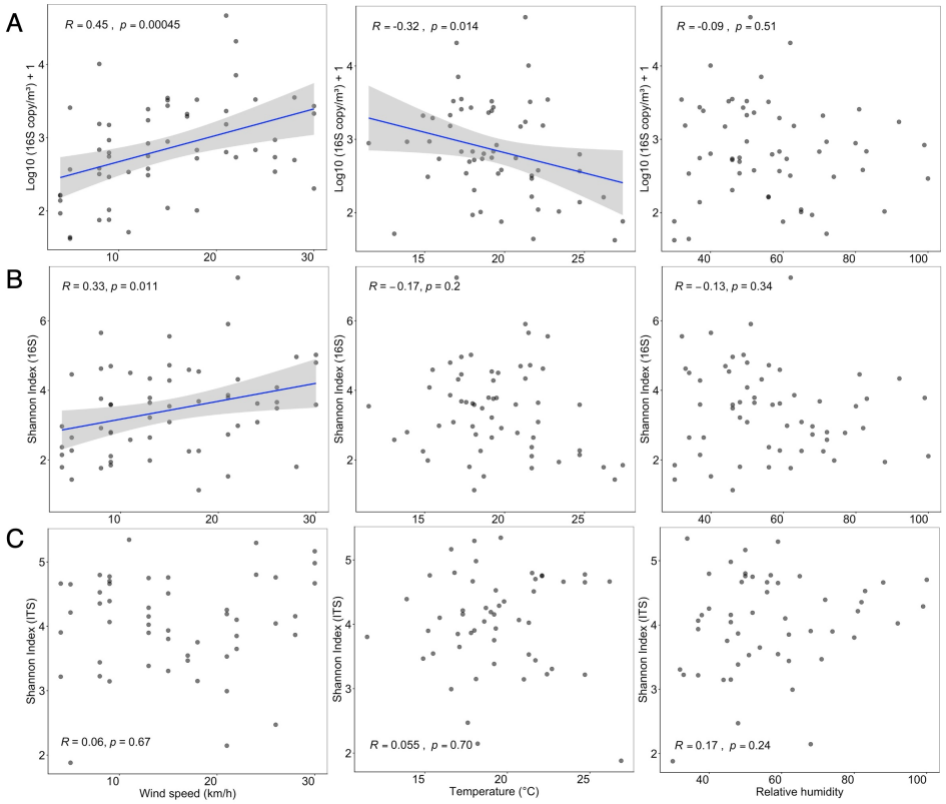


FIGURE 2: Spearman correlations between environmental factors and microbial abundance and diversity. (A) log10 (16S copy/m^3) +1, (B) bacterial Shannon index and (C) fungal Shannon index versus wind speed (km/h), temperature (°C) and relative humidity for outdoor. Gray areas represent the 95 % confidence interval.

2.3.2 Community composition

Core microbiome analysis was conducted for each environment according to urban areas (Supplementary Table S6). No core bacterial ASVs were detected for Scarborough and Chicoutimi outdoor air, even after lowering the minimal prevalence to 60%. Four bacterial ASVs were identified as the core microbiome for Chicoutimi indoor air (Two *Streptococcus*, one *Roseateles* and one *Methylobacterium*). *Streptococcus* was present in all indoor air samples in Chicoutimi. For fungal ASVs, eight were identified as core members in Scarborough and five in Chicoutimi outdoor air. In both urban areas, two ASVs were identified as *Cladosporium*, which was present in all outdoor air samples from Scarborough and at 92.3% prevalence in Chicoutimi. No other fungal ASVs identified as core members were shared between both urban areas.

Relative abundance of ASVs was measured at order-level for bacteria and fungi, according to urban areas and environment. Indoor bacterial samples contained three main phyla: *Pseudomonadota* (47.3 ± 27.2%), *Bacillota* (33.8 ± 23.3%) and *Actinomycetota* (9.5 ± 7.8%) (Supplementary Table S7). Principal orders were *Lactobacillales* (28.9 ± 20.2%)*, Hyphomicrobiales* (18.0 ± 21.2%), *Sphingomonadales* (15.5 ± 16.8%) and *Burkholderiales* (9.8 ± 7.4%) (Figure 3A). Compared to outdoors samples from Chicoutimi, the 'Other' category of indoor samples represented a smaller proportion (mean = 18.1 ± 9.9% and mean = 31.3 ± 11.7 respectively). *Spingomonadale*s showed a higher prevalence in indoor samples (Figure 3A).

For outdoor samples, the same bacterial phyla were detected as in indoor samples. In addition, a higher proportion of *Bacteroidota* (8.5 ± 5.4%) was also observed in outdoor air samples (Supplementary Table S7). The main orders detected were the same found in indoor samples, with the addition of *Mycobacteriales* (6.0 ± 9.6%) and *Micrococcales* (5.2 ± 4.7%). Compared to indoor samples, dominance by few taxa was not apparent. There was more order with lower prevalence. Between urban areas, *Hyphomicrobiales* are more prevalent in samples from Scarborough (13.1 ± 7.6%) than in samples from Chicoutimi (7.6 ± 8.9%) (Figure 3A). In contrast, *Lactobacillales* are more present in Chicoutimi samples (25.5 ± 26.5%) than in Scarborough (10.9 ± 18.1%).

For fungi, sequences were obtained from only three indoor samples, which limited the possibilities for description and analysis. For outdoor samples, only two phyla were uncovered in similar proportion between both urban areas*, Ascomycota* and *Basidiomycota* (Supplementary Table S7). *Polyporales* (18.5 ± 11.0%), *Hymenochaetales* (17.6 ± 15.0%), *Cladosporiales* (15.9 ± 17.4 %), *Agaricales* (6.6 ± 5.8%), and *Pleosporales* (5.7 ± 5.3%) were the principal orders identified in all samples (Figure 3B). *Cladosporiales* had a higher prevalence in outdoor samples in Scarborough (28.5 ± 18.6%) compared to Chicoutimi (6.5 ± 6.8%). *Eurotiales* (3.6 ± 4.0%), *Tremellales* (4.9 ± 6.6%) and *Russulales* (6.6 ± 7.8%) appeared more prevalent in Chicoutimi than Scarborough (1.0 ± 0.9%; 1.8 ± 2.2% and 1.6 ± 1.1% respectively). The bacterial dataset had a larger proportion of 'Other' (27.8 ± 12.6%) compared to fungi (9.4 ± 5.9%) in all samples. Relative abundance at the family level was done for bacteria and fungi too (Supplementary Figure S6). No clear pattern was observed

between Chicoutimi and Scarborough for bacteria, but more *Cladosporiceae* was observed for Scarborough than Chicoutimi (28.5 ± 18.6% compared to 6.5 ± 6.8%).

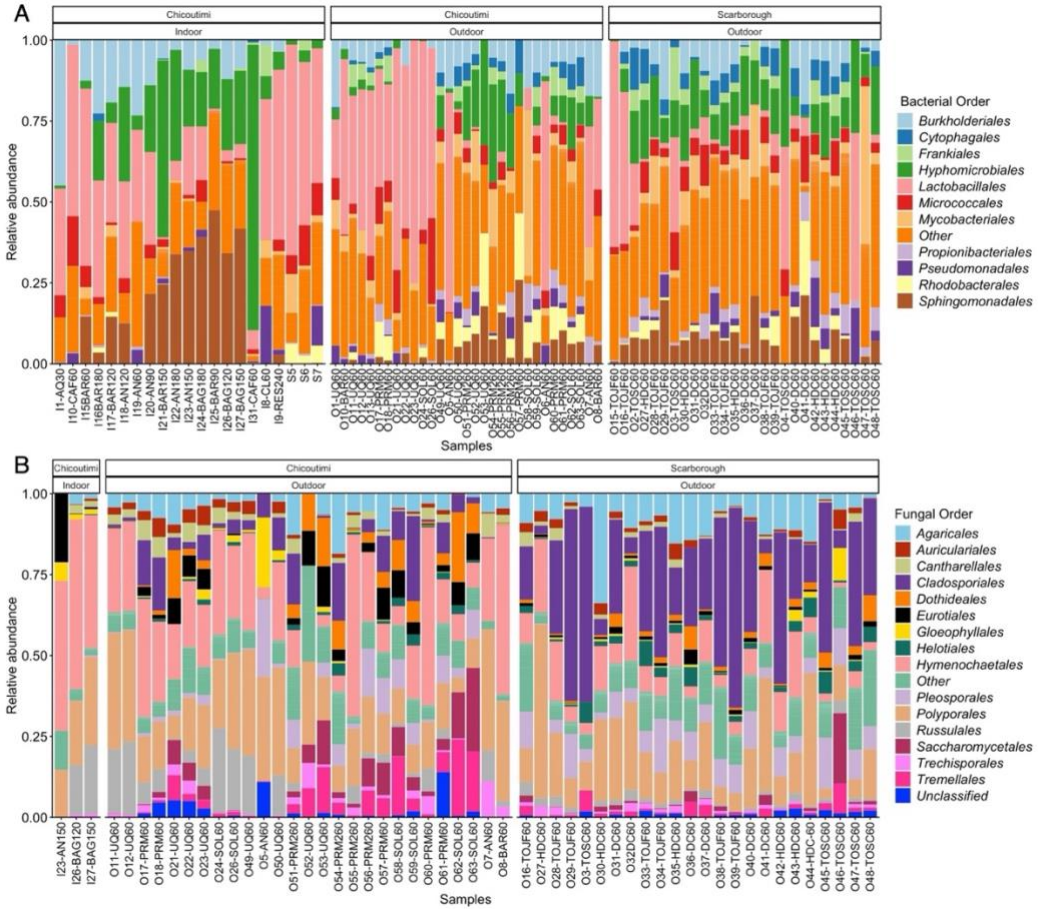


FIGURE 3 : Community composition at order level for (A) bacteria and (B) fungi. Data were transformed as relative abundance. Facets are organized by environment and urban areas. Orders with a relative abundance less than 2% are grouped into the 'Other' category. The x-axis represents samples.

2.3.3 Interurban abundance and diversity

Both t-test comparing urban areas for bacterial total abundance (t = -2.9; p = 0.005) and diversity from the Shannon index (t = -2.2; p = 0.03) were significant (Figure 4A-B), in samples groups of the same approximate size. Bacterial total abundance for Scarborough (mean = 3.1 $\log_{10}$ +1 copies) was higher compared to Chicoutimi (mean = 2.6 $\log_{10}$ +1 copies). Shannon index values were also significantly higher in Scarborough (mean= 3.8) than Chicoutimi (mean = 3.1), following the same trend. Shannon index for Scarborough was highly dispersed around the mean, copies numbers showed a similar trend but less pronounced. Levene's tests

shown no significant difference between two urban areas for Shannon index ($p = 0.81$) and copy number ($p = 0.82$). The same metrics are shown according to the sampling year for each urban zone and for sites in Supplementary Figures S7-S8).

The PERMANOVA test results showed significant clustering according to urban areas ($F = 1.8$; $p = 0.003$) (Figure 4C-D). A PERMANOVA test performed on the Bray-Curtis matrix for urban areas and with wind speed indicated a significant effect ($F = 1.3$; $p = 0.04$). The first axis of the ordination (PCoA) explained 10 % and the second axis 4 %. It seemed that Chicoutimi samples (mean = 20.7 ± 3.5 ºC) had a higher temperature than Scarborough (mean = 17.9 ± 2.3 ºC), as confirmed with previous tests and shown in Supplementary Table S5. The opposite was observed for wind speed, which was lower in Chicoutimi (mean = 12 km/h) than in Scarborough (mean = 18.5 km/h) (Supplementary Table S5). Wind speed was under 10 km/h during sampling more frequently in Chicoutimi (n= 18) compared to Scarborough (n= 3). Samples clustered according to their geographical location but also according to wind and temperature, which are different depending on the sampling zone. Confidence intervals for urban zone were large, but intragroup dispersion was verified as non-significant (Betadispr; $p = 0.5319$). A PERMANOVA incorporating sampling sites nested within urban area (*BC ~ urban_area/site + wind + temperature + humidity*) showed that the nested term site(urban area) was marginally significant ($F = 1.09$, $p = 0.056$). However, the assumption homogeneity of dispersion was not met ($F = 20.79$, $p < 0.001$). No significantly differentially abundant bacteria taxa were

detected between urban areas, with ANCOM-BC2. This result was verified with two other tools, Aldex2 (Fernandes *et al.* 2013) and RadEmu (Clausen *et al.* 2025), which produced the same result.

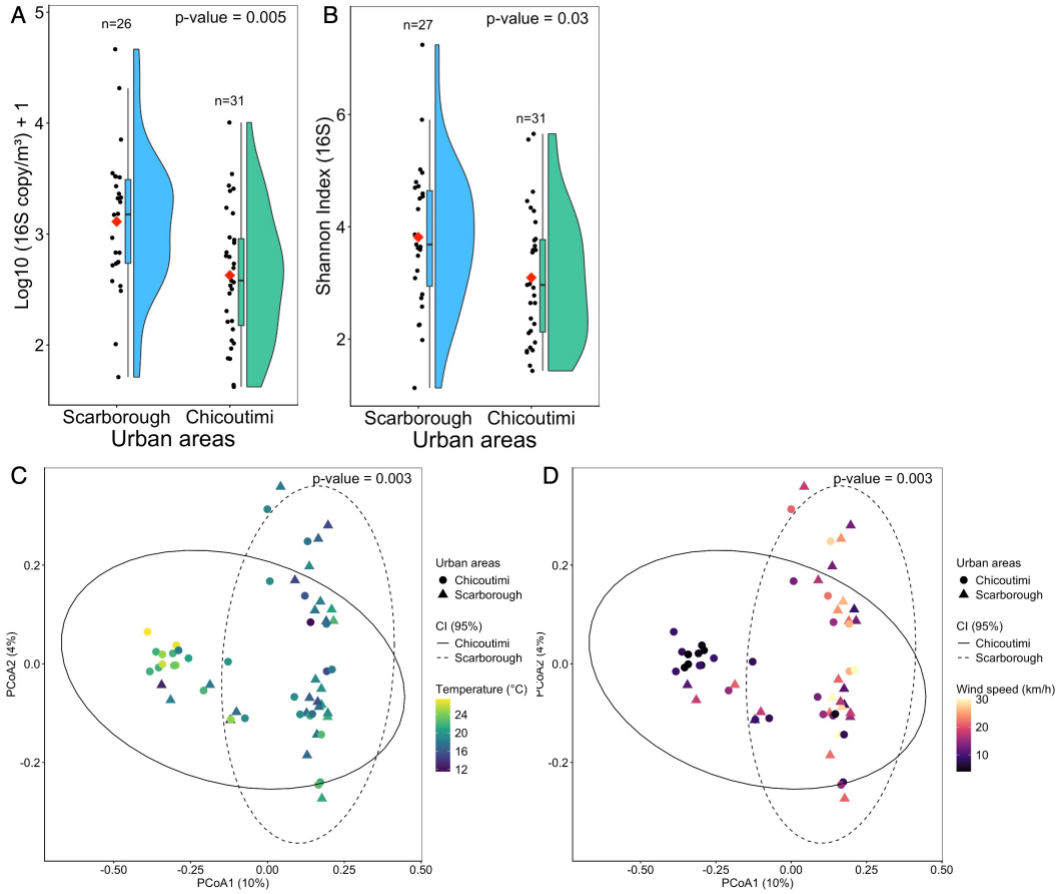


FIGURE 4 : Bacterial diversity metrics for outdoor air samples across urban areas. (A) Bacterial abundance quantified by 16s rRNA gene on a log10 +1 scale (t-test). (B) Alpha diversity measure by shannon index (t-test). (A-B) Red diamonds represent the mean. (D-D) Bacterial pcoa plots based on bray-curtis dissimilarity matrices with a variance stabilizing transformation, colored by (C) temperature (ºC) and (D) wind speed (km/h). Ellipses indicate the 95% confidence intervals.

Total abundance for fungi was not measured. No difference was observed in Shannon index for fungi ($t = -0.3153$; $p = 0.75$) (Figure 5A). Shannon index means between both urban areas were very similar (Scarborough = 4.0; Chicoutimi = 4.1). Fungal Shannon index (mean for Scarborough and Chicoutimi = 4.0) was greater than the bacteria Shannon index (mean for Scarborough and Chicoutimi = 3.45). Fungal diversity is shown according to the sampling year for each urban area and for sites (Supplementary Figures S7-S8).

A PERMANOVA test performed on fungal taxa showed significant differences between both urban areas ($F = 3.4$; $p = 0.001$) (Figure 5BC). A PERMANOVA test performed on a Bray-Curtis dissimilarity matrix for urban areas crossed with wind speed indicated a significant effect ($F = 1.5$; $p = 0.04$). As for bacteria, samples coming from the same sampling zone clustered together but environmental variables also. Specifically, the Chicoutimi cluster has a higher temperature (mean = 20.7 ± 3.5 ºC) and a lower wind speed (mean = 12 ± 7.7 km/h), following the same pattern as bacterial ordination (Supplementary Table S5). The clustered exhibited a broad distribution but the dispersion within group was verified (Betadispr; $p = 0.228$). There was less overlap for the confidence interval for fungi than for bacteria. Same as bacteria, PERMANOVA (*BC ~ urban_area/site + wind + temperature + humidity*) showed that the nested term site(urban area) was significant ($F = 1.4$, $p = 0.001$) and humidity too ($F = 3.6$; $p = 0.001$). However, the assumption of homogeneity of dispersion was not met ($F = 12.4$, $p < 0.001$).

Six fungal genera (*Tricholoma*, *Coprinellus*, *Arthrocatena*, *Sidera*, *Cerioporus* and an unclassified *Sclerotiniaceae*) were enriched in Scarborough, while in Chicoutimi only *Radulodon* and an unclassified *Hydnaceae* was identified as significantly more abundant (Figure 5D). Two taxa were only identified at the family level (*Sclerotiniaceae* and *Hydnaceae*) with *Tricholoma* having the greatest log-fold change (6.1).

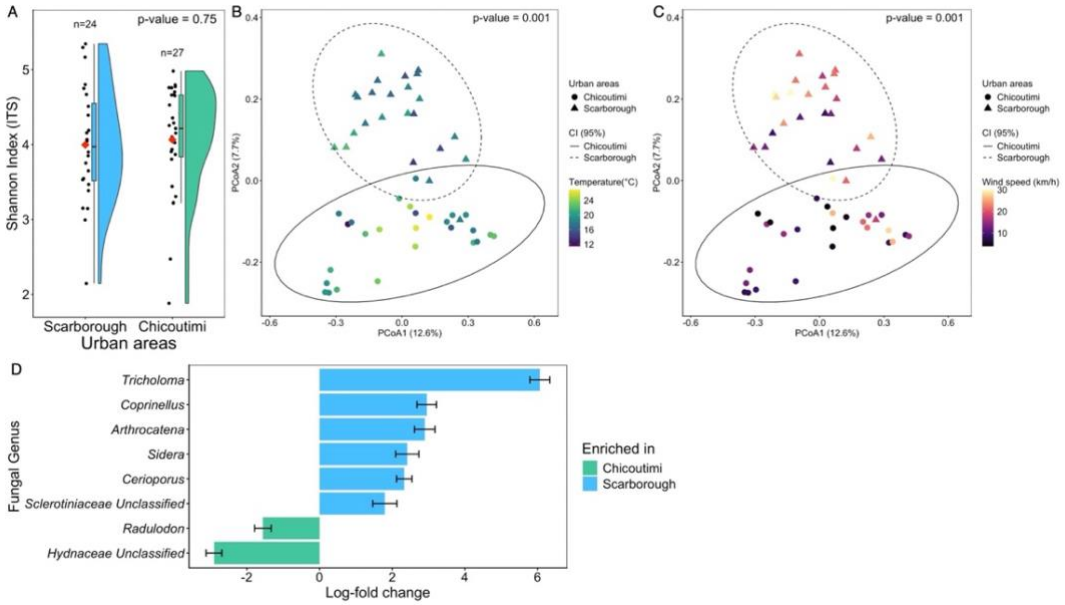


FIGURE 5 : Fungal diversity metrics for outdoor air samples across urban areas. (A) Alpha diversity measure by Shannon index (t-test). (A) Red diamonds represent the mean. (B-C) Fungal PCoA plots based on Bray-curtis dissimilarity matrices with a VST transformation, colored by (B) temperature (ºC) and (C) wind speed (km/h). Ellipses indicate the 95% confidence intervals. Difference between community composition was assessed using PERMANOVA. (D) Differentially abundant fungal genera across urban areas, determined using ANCOM-BC2 analysis. Error bars represent standard errors.

2.3.4 Indoor-outdoor abundance and diversity

Indoor and outdoor air samples from Chicoutimi were compared for bacterial metrics (Figure 6). Total abundance in 16S copies per cubic meter was significantly higher inside residences and the university (mean = 3.1 $\log_{10}$ +1 copies) than outside (mean = 2.6 $\log_{10}$ +1 copies), (t = 2.2; p = 0.03) (Figure 6A). Bacterial total abundance for indoor samples showed a greater dispersion compared to outdoor air samples. The opposite pattern was observed for Shannon index, with outdoor air (mean= 3.1) having a greater Shannon diversity index than indoor air (mean = 2.4; W=211; p=0.03) (Figure 6B).

A PERMANOVA test, performed on bacterial Bray-Curtis VST transformed matrix, was significant for indoor-outdoor air (R^2 = 0.08; F= 4.1; p=0.001) (Figure 6C), but there was significant within-group dispersion (F = 30.5; p < 0.001). First and second principal coordinates axes represented 12.5% and 9.2% of variance. The PCoA displayed a horseshoe effect. One indoor air sample appeared to cluster separately from

the other samples from the same group. Indoor samples overlapping with outdoor samples were all collected at the university campus.

Differential abundance analysis showed three genera (*Rubellimicrobium*, *Hymenobacter* and *Ralstonia*) and three families (*Oxalobacteraceae*, *Acetobacteraceae* and *Hymenobacteraceae*) significantly differed in their abundance between indoor and outdor enviroments (Figure 6D-E). Only one genus, *Ralstonia*, was significant for indoor air, as the others are enriched in outdoor air. All three families were found to be enriched in outdoor air. *Rubellimicrobium* was the genus with the highest log-fold change (4.71) and *Oxalobacteraceae* for families (3.6).

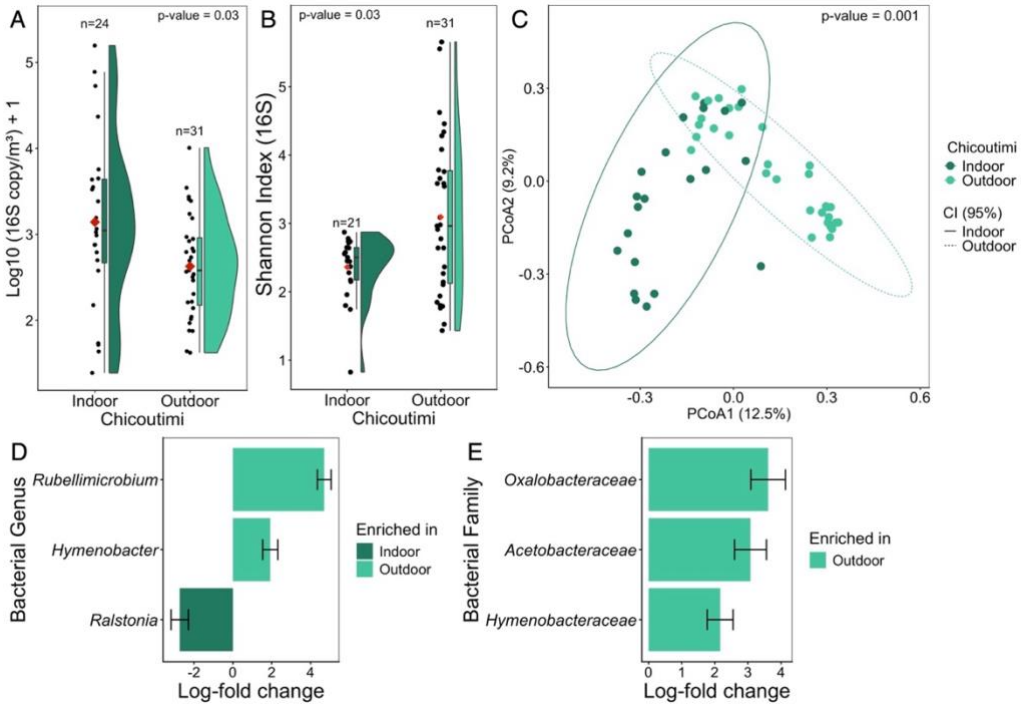


FIGURE 6 : Bacterial abundance and diversity metrics for Chicoutimi air samples across environment. (A) Bacterial abundance quantified by 16S rRNA gene on a log10 +1 scale (t-test). (B) Alpha diversity measure by Shannon index (Wilcoxon). (A-B) Red diamonds represent the mean. (C) Bacterial PCoA plots based on Bray-curtis dissimilarity matrices with a VST transformation, colored by environment. Ellipses indicate the 95% confidence intervals. Difference between community composition was assessed using PERMANOVA. (D-E) Differential abundance analysis using ANCOM-BC2 for (D) genus and (E) family levels, across environment in Chicoutimi. Error bars represent standard errors.

2.4 Discussion

In this study, we compared the diversity and composition of bacteria and fungi across two urban areas in Canada and indoor-outdoor environments. Our main objective was to determine if differences exist between outdoor microbial communities according to temperature, relative humidity, wind speed and latitudinal gradient. Measured bacterial concentration and diversity were different between both urban areas and between indoor and outdoor air. Fungal bioaerosols seemed less influenced by environmental parameters measured, leading to the hypothesis that other factors not measured here may explain differences observed.

The environmental data was obtained from Environment Canada, which has stations located 25 km from our study sites. Bagotville A is 159.10 m above ground level and Toronto City Center is 76.80 m. This could result in missing local, site-specific conditions, such as air disturbance between buildings. As a result, environmental data represented regional conditions, which may differ from the one surrounding the sampling device.

2.4.1 Bioaerosols composition in both urban areas

The absence of a bacterial core microbiome for outdoor air between both areas suggests high variability between our outdoor samples. A single-site study, looking at temporal variability, found that bacterial communities fluctuate more than fungal ones over short time scales (Fierer *et al.* 2008). This could explain why we didn't detect any core members and no significant differentially abundant bacterial taxa. Only one ASV was identified in all indoor air samples in Chicoutimi. *Streptococcus* is resistant to arid conditions of the air, and it is not surprising to find it in our study as a core member in indoor air (Li *et al.* 2019; He *et al.* 2024). As for relative abundance, no clear pattern was detected between urban areas. The lack of distinct patterns between Scarborough and Chicoutimi suggested that, at a macro-scale, bacterial proportions are homogeneous, meaning we need to look at a finer scale to detect taxonomic differences. A more rural site would have provided a better comparison. Indeed, performing a PERMANOVA on a Bray-Curtis dissimilarity matrix revealed differences in community composition.

Three high abundance orders from our dataset, *Lactobacillales*, *Sphingomonadales* and *Burkholderiales*, were also found in studies investigating urban bioaerosols (Bowers *et al.* 2011a; Franzetti *et al.* 2011; Bertolini *et al.* 2013; Gandolfi *et al.* 2015a; Ruiz-Gil *et al.* 2020). *Sphingomonadales* potentially originate from vegetation where they are associated with phyllosphere (Bowers *et al.* 2011a; Franzetti *et al.* 2011). *Burkholderiales* are soil inhabitants, which highlight the fact that soil ss an important source of airborne bacteria (Bertolini *et al.* 2013). A higher proportion of *Hyphomicrobiales* was found in Scarborough (13.1% compared to 7.58%). This is surprising, as *Hyphomicrobiales* are known for their relationship with plants and soil (Bowers *et al.* 2011b; Leducq *et al.* 2026). While higher proportion in Chicoutimi would have been expected, the proximity of a park to the Scarborough sites may explain this.

The main fungal orders we found, such as *Polyporales*, *Hymenochaetales*, *Cladosporiales*, *Agaricales* and *Pleosporales* have been identified previously in bioaerosols of outdoor air (Oliveira *et al.* 2009; Després *et al.* 2012; Shin *et al.* 2015; Samaké *et al.* 2020). *Polypolares* and *Hymenochaetale*s are associated with forest ecosystems, as important decomposers and inhabitants of wood (Dai 2010; Binder *et al.* 2013). The presence of these microorganisms suggests an impact from nearby forests. *Cladosporiales* are ubiquitous in the environment and this explains why it had four times greater relative abundance in Scarborough than in Chicoutimi samples (D'Halewyn et Chevalier 2026). Furthermore, two ASVs, which were assigned to *Cladosporium*, were also identified in the core aerobiome of all samples. *Cladosporium* is commonly found in bioaerosols and has been identified as an important aeroallergen in multiple studies (Troutt et Levetin 2001; Oliveira *et al.* 2009; Lee *et al.* 2010; Barberán *et al.* 2015; Faridi *et al.* 2015; Olsen *et al.* 2023; Ziaei *et al.* 2025; Poirier *et al.* 2026). This is important implications for public health, as fungal sensitization represents a significant health concern (Chen *et al.* 2025a). Identifying the most prevalent fungal spores through air monitoring can help us prevent the consequences on human health.

The bacteria dataset presented a higher proportion of rare ASVs compared to fungi, while fungi were dominated by few groups with higher relative abundances. This may be a technical artefact: as the ITS region has a variable length, making it more challenging to sequence, which may lead to an underrepresentation of rare taxa. This could explain why we observed fewer rare fungal ASVs.

2.4.2 Impacts of wind and temperature on airborne bacteria

As we expected, Scarborough had a higher bacterial concentration in outdoor air. This can be partially explained by environmental factors such as wind speed, which was greater in Scarborough than Chicoutimi and positively correlated with 16S copy numbers. Wind has been identified as an important factor influencing microbe communities in other studies (Shaffer et Lighthart 1997; Li *et al.* 2011; Gandolfi *et al.* 2015b; Tignat-Perrier *et al.* 2019; Ruiz-Gil *et al.* 2020; Zhang *et al.* 2024; Chen *et al.* 2025b; Zhao *et al.* 2025). The effect is however, inconsistent, as some studies have reported positive correlations, while others have observed negative relationships, depending on the type of microorganism (bacteria or fungi) (Pavuluri et al., 2005; Romano et al., 2024). Wind could explain why we observed a clustering by sequencing run, as all samples in Scarborough were collected in 2025, which has significantly higher wind speed. This underscores the importance of randomization during sample processing to mitigate batch effect, and to better uncover environmental drivers.

Temperature, which was warmer in Chicoutimi at the time of sampling, had a negative effect on bacterial abundance but not on diversity. Other studies have found that temperature has a positive effect on airborne microbes, which is not what we observed (Pavuluri *et al.* 2005; Li *et al.* 2011; Mhuireach *et al.* 2019). The decreasing effect could be explained by higher solar radiation at higher temperatures, which could break genetic material caused by UV (Kowalski et Pastuszka 2018). Our correlations suggest that the influence of environmental data is far more complex than previously understood.

2.4.3 No environmental effect on airborne fungi

We did not detect any correlation between environmental measures and fungal metrics. Multiple studies have previously found a correlation between meteorological conditions and fungal metrics or specific taxa (Oliveira *et al.* 2009; Li *et al.* 2011; Uk Lee *et al.* 2016; Kowalski et Pastuszka 2018; Gallego-Cartagena *et al.* 2025). However, environmental factors have a less pronounced effect on fungi than on bacteria (Zhao *et al.* 2025; Lai *et al.* 2026). If the effect is less pronounced, it is possible that the range of values observed in this study for environmental factors was not sufficient to identify a possible effect on fungal sequences.

2.4.4 Bacterial abundance differed according to urbanization

Bacterial abundance was significantly higher in Scarborough than Chicoutimi. As mentioned above, this is partly due to wind and temperature, both of which correlated with bacterial abundance. Air pollution, specifically higher PM2.5 concentrations, has been shown to be positively correlated with bacterial concentration (Wei *et al.* 2020). As we did not measure PM2.5 concentration, we cannot make conclusions about higher abundance in Scarborough due to higher emissions of PM2.5. Bacterial abundance was lower compared to measurements made in the urban bioaerosol literature, using qPCR (Bertolini *et al.* 2013; Amarasekara *et al.* 2021; Jiang *et al.* 2022a). In Poirier *et al.* 2026, $\log_{10}$ mean sample copy number ranges between 3.5 and 6.5 (2.5 to 5.5 in $\log_{10}$ +1), slightly higher than in this study (approximately 1.5 to 4.5 mean copy number in $\log_{10}$+1 scale). They conducted their sampling in different neighbourhoods in Montreal, Sherbrooke and Québec City, Canada, with the same sampling parameters and devices. However, a study investigating culturable bacteria concentrations on multiple sites showed that university campuses had a lower bacterial count than urban development, farms and industrial zones (Pavuluri *et al.* 2005). According to their findings, university campuses are cleaner areas, which could lead to reduced airborne biomass in surrounding areas. This support our observations of low-biomass samples, some of them were under qPCR detection limit or yielded low read counts.

2.4.5 Interurban aerobiome differs in diversity

Against expectations, taxonomic diversity was greater in Scarborough than in Chicoutimi, and was positively correlated with wind speed (Flies *et al.* 2020a; Robinson *et al.* 2021). Urban spreading is less extensive in Chicoutimi, with forests located closer to our sampling site. As soil and vegetation are important sources of microorganisms (Lymperopoulou *et al.* 2016; Gellie *et al.* 2017; Robinson et Breed 2023), we hypothesized that alpha diversity would be greater in the Chicoutimi aerobiome. Despite literature predicting high diversity for rural compared to urban settings (Robinson *et al.* 2021), our findings did not support this. Also, Chicoutimi is surrounded by forests and their impact on aerobiome is poorly understood (Šantl-Temkiv *et al.* 2020). Microbes on leaves, soil and surfaces can be carried by wind (Flies *et al.* 2020a; Feng *et al.* 2024).

The higher wind speed recorded in 2025, when most Scarborough samples were collected due to logistical constraints, could explain the increased bacterial diversity observed in Scarborough compared to Chicoutimi. However, Chicoutimi cannot be classified as a rural area but rather a moderately urbanized one. It features several aluminium smelters in surrounding districts (Rio Tinto 2024), which may alter bioaerosol emissions to an unknown extent. Consequently, the original hypothesis did not fully account for these local parameters. Accounting for the influence of these specific industrial activities could explain the pattern we observed.

In line with previous studies, the community composition of aerobiomes differed between both urban areas. A study done in Albania and Italy found that samples tend to cluster according to their geographical origins (Romano et al., 2024), as was observed in a comparison of Italian urban cities (Gandolfi *et al.* 2015b). Poirier *et al.* 2026 also uncovered a difference in microbial community composition between three cities in Québec, Canada, while using the SASS 4100 for the same sampling duration. Muyshondt *et al.* 2022 reached similar conclusions regarding bacterial phyllosphere communities across urban green areas in Europe, identifying cities as the primary driver of both taxonomic and community-level diversity in the phyllosphere. However, site nested within urban area was marginally significant, but homogeneity of dispersion between sites was not met, indicating that this result may partly reflect differences in within-site variability rather than differences in community composition alone.

2.4.6 Interurban comparison for fungal sequence

No difference was detected between both urban zones for fungal alpha diversity, but beta diversity was significantly distinct between Chicoutimi and Scarborough. Shannon values were within the range commonly found in other studies for outdoor samples (Lee *et al.* 2010; Zhao *et al.* 2025; Poirier *et al.* 2026). As described earlier, fungi are less influenced by environmental conditions, which could explain why there was no difference for Shannon index. Recent studies focus primarily on rural and urban gradients or focus on built environments, so comparison with literature is quite difficult (Bowers et al., 2013; Marczylo et al., 2025; Oliveira et al., 2009; Ziaei et al., 2025). Results are conflicting, as some looked only at abundant fungi or only at bacteria diversity (Flies *et al.* 2020a). In Ivanova *et al.* 2025, the most urbanized sites had a higher Shannon index, according to culturable fungi. Karlsson *et al.* 2020 investigated fungal diversity in Sweden, comparing the North and South,

and found that the most heterogeneous land cover site (North) was more diverse. A study conducted on a continental scale in the USA, collecting outdoor dust surfaces such as exterior doors, found no significant effect according to the level of urbanization for bacteria or fungi diversity and community composition (Barberán *et al.* 2015). Another continental-scale study on bacterial diversity and ARGs was conducted by George *et al.* 2024, using vehicle cabin air filters across Canada. They found lower bacterial diversity in Quebec than in Ontario, which they attribute to environmental parameters and land use. This aligns with our results.

As for fungal community composition, a difference was identified in community-level beta diversity. The same conclusions were made in a previous study, distinguishing rural and urban areas (Bowers *et al.* 2013). The difference can be explained by significantly abundant taxa identified via ANCOM-BC2 analysis. *Tricholoma*, *Coprinellus*, *Arthrocatena*, *Sidera* and *Ceriporus* were genera enriched significantly in Scarborough, whereas *Radulodon* and unclassified genus from *Hydnaceae* family were enriched in Chicoutimi samples. The smaller overlap of confidence ellipses for fungi compared to bacteria suggests that fungal communities are more dissimilar between the two cities, indicating a stronger effect of cities on fungal than on bacterial community composition. Furthermore, the two principal coordinates together explained more variance in fungi than bacteria. The PERMANOVA with nested sites also suggests that site within city can explain the differences we observed, reinforcing the idea that site-specific conditions shape local airborne community composition. However, the assumption of homogeneity of dispersion was not met, indicating that this result may partly reflect differences in within-site variability rather than differences in community composition. Unlike the bacterial community, humidity was significant for the fungal community, which is consistent with the known effect of moisture on fungi, impacting the spore dispersal (Troutt et Levetin 2001; Zhao *et al.* 2025). Interestingly, this effect was not detected when looking at the correlation between the Shannon index and relative humidity, suggesting that humidity shapes fungal community composition (beta diversity) rather than richness or diversity (alpha diversity).

2.4.7 Indoor and outdoor air significantly different

Total bacterial abundance observed in indoor air was significantly higher compared to outdoor. A study done comparing indoor environments, such as elementary schools, Internet cafes and bars, found a significantly

higher concentration of total bacteria in indoor air as well (Jo et Seo 2005). Hospodsky *et al.* 2012 uncovered the same conclusion in a university building: indoor air had a higher bacterial genome than outdoor air, revealing human occupancy as the principal source. Many studies detected the same trend between indoor and outdoor air, even when using culturable or unculturable methods (Kalogerakis *et al.* 2005; Frankel *et al.* 2012; Nazaroff 2016; Brągoszewska *et al.* 2018). Human occupancy is one possible cause of why indoor air had higher bacteria concentrations than outdoor (Spendlove et Fannin 1983; Adams *et al.* 2015; Faridi *et al.* 2015; Nazaroff 2016). University campuses host students, staff, researchers, interns and language students even in the summer. Human flora contains microbial cells which can be aerosolized by shredding, coughing and speaking (Heo *et al.* 2017). *Staphylococcus*, *Propionibacterium* and *Streptococcus* are commonly associated with the human microbiome (Hospodsky *et al.* 2012; Hsu *et al.* 2016).

Taxonomic diversity was greater in outdoor than indoor air in Chicoutimi, which tracks with the literature (Kembel *et al.* 2012; Chen *et al.* 2021; Lee *et al.* 2021; Jiang *et al.* 2022b). Indoor air is less diverse, as it is strongly influenced by human associated microbes (Kembel *et al.* 2012). Outdoor air is also a source of bioaerosols in indoor settings, caused by air movement, such as window and door opening, and ventilation (Miletto et Lindow 2015; Rai *et al.* 2021). However, a study performed in San Franscico, comparing 29 homes using pyrosequencing and qPCR founded contrasting results, as there was no difference in diversity between both environments. (Miletto et Lindow 2015). This may be due to the sampling volume (1 m^3 of air), which is significantly lower than ours (18 m^3- 240 m^3). Using different databases can also have an effect on biodiversity and explain differences with this study (Campos *et al.* 2022). Differences between environments may also be influenced by the sampling methods used. Indoor air was sampled using a wet sampler, whereas outdoor air was collected using a dry sampler. Different samplers were used because indoor sampling typically requires lower airflow rates than outdoor sampling. Dry sampling can lead to degradation of genetic material due to desiccation, whereas wet sampling may better preserve nucleic acids but can allow microbial growth during sampling (Dybwad *et al.* 2014; Haig *et al.* 2016; Ruiz-Gil *et al.* 2020).

Community compositions of indoor and outdoor were also different. This can be explained by source emissions, which are different between both environments. Indoor air tends to be associated with the human

microbiome rather than outdoor air, which is more associated with soil and plant microbiomes (Adams et al., 2014; Fujiyoshi et al., 2017; Kembel et al., 2012). Other studies also discovered differences between different built environments and outdoor air nearby (Kembel *et al.* 2012; Lee *et al.* 2021). When considering relative abundance, *Sphingomonadales* and *Hyphomicrobiale*s are more abundant indoors than outdoors. Both orders have been found in office buildings by sampling dust via vacuum cleaning (Rintala *et al.* 2008). *Hyphomicrobiale*s, as stated earlier, are associated with soil and vegetation. This suggests there is an exchange between indoor and outdoor air. Our multivariate analysis was significant between indoor and outdoor air, yet a clear horseshoe effect was observable in our PCoA. A horseshoe effect is associated with strong gradients and differentiation among samples that do not share common characteristics (Morton *et al.* 2017). In our dataset, the marked difference between two environments and undersampling biais likely generated this pattern. Also, A similar issue was reported by Poirier *et al.* 2026. Their study included additional environmental variables to separate cities in the ordination. Because our analysis compares only two groups, it was not possible to separate them into distinct ordinations. This ordination was kept as it was verified with statistical analysis (PERMANOVA and ANCOM-BC2), which were significantly different between indoor and outdoor air. The significant difference within-group dispersion reflects the variability of air microbiome. Despite the heterogeneity, the PERMANOVA result, combined with ANCOM-BC2 results, supports a difference in bacterial community composition between indoor and outdoor environments. One indoor sample was identified as an outlier in the ordination. Since no differences were observed for sampling duration and richness,this could be explained by potential disturbances or and extraction artefacts. Differential abundance taxa were identified in both environments. Only one genus, *Ralstonia*, was significant in indoor samples. It is not surprising finding this genus indoors, as it was also identified as an indicator species of indoor air in Kembel *et al.* 2012. *Ralstonia* was also found as a core microbiome in atmospheric air samples from polluted air in China (Wei *et al.* 2020). It also correlated with atmospheric pollutants in another study looking at the influence of environmental factors in outdoor air in a cold region of China (Lai *et al.* 2026). In contrast, three families and two genera identified in our analysis were from outdoor samples. *Rubellimicrobium* and *Hymenobacter* were previously found in other bioaerosol studies (Xie *et al.* 2021b; Romano *et al.* 2024; Waters *et al.* 2024). *Hymenobacter* was previously detected in rainwater from wet deposition and in precipitation on top of mountains, which is consistent with our results, since our samples were collected outdoors (Cáliz *et al.* 2018; Waters *et al.* 2024).

Muyshondt *et al.* 2022 looked at phyllosphere in urban green areas and found *Oxalobacteraceae* in the top 10 families in Paris, *Hymenobacteraceae* in top three for all cities and *Acetobacteraceae* in green areas. This potentially suggests a stronger association with vegetation, which corroborates our results, as these taxa were enriched in outdoor air compared to indoor air.

2.4.8 Conclusion

In this study, we demonstrated that airborne microbial communities vary significantly between two urban areas. Correlations were detected between environmental factors and the abundance or diversity of bacterial communities. As urbanization continues to expand globally, understanding how airborne microbial communities are shaped by urban environments is important, given their impacts on human health. Future studies should incorporate more environmental parameters to better characterize the complex interactions that structure airborne microbial communities. Extending this type of analysis to indoor environments would be valuable, as it would allow researchers to determine whether the trends observed outdoors are reflected within the built environment.

CHAPITRE 3

CONCLUSION

L'urbanisation se caractérise par une diminution du couvert végétal, une augmentation du trafic routier et une augmentation de la densité de population. Un changement dans le paysage des villes urbaines peut entrainer une modification des sources de bioaérosols. Connaître l'impact du niveau d'urbanisation sur la communauté aérienne microbienne est donc important en vue des impacts potentiels sur l'environnement, comme la formation de noyau de glace, et sur la santé humaine, dont l'exacerbation de l'asthme. Avant d'en comprendre les effets, il est primordial de caractériser les milieux urbains pour connaître l'état des lieux. Via l'échantillonnage de l'ADN microbien dans l'air, il a été possible de caractériser les milieux et en faire une comparaison. Ce projet nous a permis de mettre de l'avant la grande variabilité entre les communautés microbiennes selon les régions urbaines.

Nos attentes ont été partiellement remplies. Les résultats obtenus ont confirmé qu'il existe bel et bien une différence entre les zones urbaines. Cependant, peu de facteurs mesurés permettent d'expliquer explicitement cette différence observée. Les corrélations avec les variables environnementales, telles que la vitesse du vent, la température et l'humidité relative, étaient faiblement, voire non corrélées à l'abondance et la diversité bactérienne et fongique. Le vent est le seul paramètre corrélé à la quantité de copies du gène 16S et à l'indice de Shannon. Celui-ci a souvent été identifié comme un facteur important, mais la littérature porte à croire que la relation entre les microorganismes et les variables environnementales est complexe (Gandolfi *et al.* 2013; Chen *et al.* 2025b; Zhao *et al.* 2025). Le trafic routier, plus important à Scarborough, pourrait expliquer l'abondance plus élevée. En effet, la matière particulaire de 2,5 µm et moins, émise lors du trafic routier, peut faire office de surface d'adhésion pour les bactéries (Després *et al.* 2007). Des données provenant du Programme de surveillance national de pollution atmosphérique (SNPA) montrent que la station la plus près de notre site d'échantillonnage à Scarborough avaient des valeurs près de 7 $\mu g/m^3$ de PM2,5, tandis que celles à Chicoutimi se situaient près de 6 $\mu g/m^3$ pour le 11 juin 2024 entre 9h et 12h. La diversité à l'échelle des communautés est également différente entre les deux zones urbaines. Cependant, à la suite d'une analyse d'abondance différentielle, aucun taxon bactérien n'est significativement enrichi à Scarborough ou à

Chicoutimi, contrairement aux taxons fongiques, pour lesquels six taxons étaient enrichi à Scarborough, et deux à Chicoutimi. Plusieurs microorganismes identifiés dans l'analyse n'ont pas été précédemment discutés dans la littérature sur les bioaérosols. Beaucoup d'études comparent majoritairement le milieu rural et urbain, sans toutefois s'intéresser à un gradient d'urbanisation (Bowers *et al.* 2013; Marczylo *et al.* 2025; Ziaei *et al.* 2025). La seule étude ayant suivi un gradient d'urbanisation a été effectuée par Poirier *et al.* 2026, mais uniquement au Québec. De plus, les conclusions rapportées dans la littérature sont souvent contradictoires, ou ne mesurent qu'une métrique bactérienne ou fongique, mais rarement les deux (Flies *et al.* 2020a). Chicoutimi n'est pas considéré comme un milieu rural en soi, mais possède un degré d'urbanisation nettement inférieur à Scarborough, situé à proximité du centre urbain de Toronto. Ainsi, les comparaisons avec la littérature sont délicates.

En ce qui a trait aux comparaisons entre l'air intérieur et extérieur, les résultats sont conformes à nos attentes. L'air intérieur, souvent caractérisé par le microbiome humain, est grandement influencé par le taux d'occupation et la ventilation, ce qui explique pourquoi on y retrouve un plus grand nombre de bactéries (Hospodsky *et al.* 2012). L'air extérieur, soumis à une circulation d'air quasi constante, permet une dispersion des microorganismes pouvant provenir de sources plus éloignées. Cela pourrait expliquer pourquoi la diversité y est plus élevée. De plus, deux genres bactériens sur trois étaient associés à l'air extérieur, *Rubellimicrobium* et *Hymenobacter*, et ont précédemment été identifiés dans des études sur les bioaérosols extérieurs (Romano 2023; Waters *et al.* 2024). Par ailleurs, les trois familles enrichies dans l'air extérieur ont été identifiées dans la phyllosphère démontrant une relation entre la végétation et l'air extérieur (Muyshondt *et al.* 2022).

Il est important de faire l'état des limitations présentes dans notre projet, notamment en ce qui concerne l'échantillonnage de bioaérosols, qui sont peu concentrés dans l'air. En effet, plusieurs échantillons lors des analyses ont obtenu des valeurs d'ADN extrait sous la limite de détection des appareils, spécifiquement les échantillons d'air intérieur. L'air, en général, est un environnement souvent transitoire pour les microorganismes en raison de ses conditions, telles la circulation d'air constante et la pauvreté en nutriment, qui font en sorte que peu de croissance s'y déroule. Cela explique pourquoi certains échantillons se retrouvent sous la limite de détection. La faible biomasse microbienne dans l'air limite le nombre d'analyses possibles en

raison du faible rendement d'ADN extrait des échantillons. Beaucoup d'études antérieures utilisaient les méthodes de culture pour identifier les champignons (Oliveira *et al.* 2009; Li *et al.* 2011; Valsan *et al.* 2015; Crandall et Gilbert 2017; Humbal *et al.* 2020). L'utilisation du séquençage par amplicon, autant 16S que ITS, entraine des biais taxonomiques, puisque certains taxons peuvent être surreprésentés ou sous-représentés en fonction de l'amorce choisi (Thijs *et al.* 2017). Une mauvaise représentation des taxons peut biaiser la composition de la communauté et c'est pourquoi il est nécessaire d'analyser les abondances relatives avec précaution. De plus, une attention particulière doit être portée aux effets de lot (*batch effect*) lors des analyses. En effet, nos échantillons bactériens ont été soumis au séquençage en deux essais distincts, la première contenant les échantillons 2023-2024 et la seconde, ceux de 2025. Cette séparation entre nos deux séquençages a entrainé une variation du nombre moyen de lectures et un regroupement selon l'essai de séquençage. Afin d'atténuer l'effet, nous avons dû appliquer un ré-échantillonnage des lectures à plusieurs reprises. Malgré cette correction, il y avait toujours une différence significative persistante entre les séquençages. Ceci peut être expliqué par des conditions environnementales différentes entre 2025 et les années précédentes. Cela souligne l'importance de la randomisation pour prévenir les biais méthodologiques. L'échantillonnage sur trois mois doit également être pris en compte. Les échantillonnages extérieurs n'ont pas pu être effectués en parallèle en raison de la disponibilité d'un seul appareil. Les réplicats ont dont été effectuées de manière successive. La température a donc pu varier entre les mois d'échantillonnage, mais aucune corrélation n'a été mise en évidence entre la température et la diversité alpha des bactéries et des champignons.

L'interprétation des différences détectées entre les deux milieux doit être faite avec prudence. En effet, ces derniers ont été échantillonnés à l'aide de deux appareils différents. Ces appareils ont été sélectionnés selon les spécificités techniques du fabricant en fonction de l'environnement ciblé, pour permettre une meilleure caractérisation. Ce choix méthodologique pourrait cependant introduire des biais lors de la comparaison des données. Le substrat sur lequel l'échantillon est collecté est distinct : filtre à sec et cyclone humide. L'échantillonneur à sec était nécessaire en raison de son haut débit d'air (4 000L/min), permettant de concentrer un plus grand volume en moins de temps et est plus adapté aux environnements vastes. Cependant, les microorganismes sur le filtre peuvent subir de la dessiccation, pouvant dégrader le matériel génétique, contrairement aux échantillonneurs liquides qui conservent mieux l'intégrité de la cellule (Mbareche *et al.* 2018;

Hou *et al.* 2023). Une étude conduite par Lemieux *et al.* 2019 a démontré que les échantillonneurs à base de filtre ont significativement plus de richesse spécifique que ceux liquides. Les échantillons provenant des filtres ont tendance à se regrouper plus entre eux, tandis que ceux liquides sont plus épars, qui sont plus hétérogènes entre eux. Le SASS 2300, en raison d'une surface interne élevée causée par les tuyaux, peut entrainer une perte de matériel qui reste collé sur les parois, selon Dybwad *et al.* 2014. Même si une perte de matériel peut potentiellement avoir lieu dû à l'échantillonneur, l'air intérieur reste significativement plus concentré que l'air extérieur, conforme à la littérature. La présence de plusieurs méthodes d'échantillonnage des bioaérosols complique les comparaisons avec la littérature. De plus, la reproductibilité entre les études est grandement entravée. Les temps de collectes, le débit d'air et le médium de collection sont variables et génèrent beaucoup de biais méthodologiques et compliqués les méta-analyses. Le développement de méthodes standardisées permettra de plus amples avancées dans le domaine de l'aérobiologie.

En conclusion, ce projet approfondit la compréhension des aérobiomes urbaines, plus spécifiquement la composition microbienne de ceux-ci. Une meilleure connaissance de la composition de l'air dans les villes est nécessaire, puisque l'urbanisation a été identifiée comme un facteur potentiel expliquant l'augmentation de la prévalence de l'asthme (Smits *et al.* 2016; Flies *et al.* 2020a). Selon les Nations Unies, il est estimé qu'environ 70% de la population mondiale, en 2050, vivra dans les zones urbaines. Par conséquent, les habitants des villes se verront de plus en plus privés des effets bénéfiques d'un aérobiome sain, dont la protection contre de l'asthme et des allergies et de l'exposition aux poussières dans les régions rurales (von Mutius *et al.* 2000; Braun-Fahrländer *et al.* 2002; Ege *et al.* 2011). Néanmoins, l'urbanisation causerait une diminution de la biodiversité, alors que nos résultats indiquent une plus grande diversité taxonomique de l'aérobiome de la ville urbanisée. Selon l'hypothèse des Vieux amis, une diversité plus élevée serait bénéfique pour le microbiome humain. Si on s'en tient à l'hypothèse qu'il existe un lien entre l'aérobiome et le microbiome humain, Scarborough serait potentiellement plus bénéfique pour le microbiome humain que Chicoutimi, en raison de sa diversité élevée. Cependant, la provenance des taxons dans l'air demeure un facteur déterminant, puisqu'une diversité élevée pourrait être dominée par des agents pathogènes ou allergènes. L'identification de pathogènes n'a pas été investiguée dans le cadre des analyses. La recherche de pathogènes nécessite des analyses plus approfondies pour confirmer leur présence. De plus, une plus grande densité de population met en péril la santé de ces

habitants, surtout en raison de la grande proximité entre les individus. L'apparition de pathogènes dans les milieux urbains peut faciliter la transmission entre les individus (Reyes *et al.* 2012; Rook *et al.* 2014). La surveillance et l'identification en continu de microorganismes pathogènes sont importantes vu les risques associés à l'urbanisation. Cela souligne l'importance de ne pas se limiter aux indices de diversité, mais de s'intéresser également à la composition fonctionnelle et taxonomique des communautés aériennes. L'urbanisation durable est l'un des 17 objectifs de développement durable des Nations Unies, et la qualité de l'air a une place importante. L'augmentation de l'urbanisation force à investiguer davantage ces effets, en vue des conséquences possibles pour la santé publique. Mon projet permet donc de mieux comprendre l'impact de l'urbanisation sur la diversité et l'abondance des microorganismes, tant à l'extérieur qu'à l'intérieur.

Les bioaérosols sont influencés par les conditions climatiques, tels que la température et le vent, présenté par les résultats. Le climat que l'on observe actuellement est voué à changer, dû aux changements climatiques. Les changements climatiques sont actuellement un sujet d'actualité important, en raison de l'impact direct sur toutes les sphères de la vie sur terre. Ils comprennent une augmentation des températures qui causent plusieurs autres changements, dont une modification de la fréquence des tempêtes (Lepore *et al.* 2021). L'année 2024 a été désignée comme l'année la plus chaude, depuis 1850, alors que 2025 est la troisième année la plus chaude (World Meteorological Organization 2026). Le changement dans le régime des vents, ainsi que l'augmentation des températures auraient potentiellement un impact sur l'abondance et la diversité des microorganismes. Dans notre projet, nous avons constaté que le vent était corrélé positivement à l'abondance et l'indice de Shannon des bactéries. Cela signifie qu'un changement dans ces paramètres pourrait potentiellement modifier la structure des communautés de l'air. L'augmentation des bactéries lorsque le vent est plus rapide pourrait permettre la dispersion de pathogènes à proximité. Par ailleurs, l'élévation des températures entraîne une hausse de la quantité de pollen dans l'air, qui peut transporter des pathogènes à sa surface, comme le virus de la mosaïque du tabac (Fetters et Ashman 2023; Damialis et Gilles 2025). De plus, certains microorganismes ont des propriétés cryogéniques (*ice nucleii*) et peuvent contribuer à la formation de nuages (Joly *et al.* 2013; Joung *et al.* 2017). Les propriétés cryogéniques sont induites par la présence de protéines, *ice nucleating protein* (INP), sur la surface des microorganismes (Bar Dolev *et al.* 2016), qui induisent la formation de cristaux de glace extracellulaires, qui protègent le microorganisme du gel et permettent la formation de précipitation et de nuages

(Šantl-Temkiv *et al.* 2022). Les microorganismes possédant ces propriétés pourraient donc un impact sur le cycle hydrologique via les précipitations (Morris *et al.* 2014).

Des projets futurs pourraient se concentrer sur l'identification de la source des émissions de bioaérosols grâce à la technique de traçage des sources. En effet, la caractérisation du contenu de l'air est la première étape pour bien définir l'air d'un milieu. Établir les sources d'émissions dans l'air des centres urbains permettrait ensuite d'agir spécifiquement sur ces sources pour diminuer l'émission, si dangereuse. La suite consisterait à déterminer l'effet sur la santé respiratoire pour voir si l'impact sur la santé humaine diffère entre les populations. En effet, il est possible que les personnes à risque soient plus susceptibles de développer de l'inflammation. Ces résultats ont des implications concrètes pour l'aménagement urbain. En effet, les parcs urbains remplis de végétation semblent avoir un impact sur l'aérobiome de Scarborough. La composition microbienne serait donc liée à la végétation à proximité. L'ajout de parc urbain dans les villes permettrait de moduler la composition microbienne de l'air en favorisant des taxons associés à la végétation plutôt que ceux associés aux trafics routiers ou à la pollution atmosphérique. Les données issues de projets comme celui-ci permettraient d'informer les gouvernements sur l'impact des aménagements du territoire sur l'air inspiré par leurs habitants.

LISTE DE RÉFÉRENCES

Abarenkov K, Nilsson RH, Larsson K-H, Taylor AFS, May TW, Frøslev TG, Pawlowska J, Lindahl B, Põldmaa K, Truong C, Vu D, Hosoya T, Niskanen T, Piirmann T, Ivanov F, Zirk A, Peterson M, Cheeke TE, Ishigami Y, Jansson AT, Jeppesen TS, Kristiansson E, Mikryukov V, Miller JT, Oono R, Ossandon FJ, Paupério J, Saar I, Schigel D, Suija A, Tedersoo L et Kõljalg U. 2024. The UNITE database for molecular identification and taxonomic communication of fungi and other eukaryotes: sequences, taxa and classifications reconsidered. Nucleic Acids Research, 52 : D791–D797.

Adams RI, Miletto M, Taylor JW et Bruns TD. 2013. Dispersal in microbes: fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances. The ISME Journal, 7 : 1262–1273.

Adams RI, Miletto M, Lindow SE, Taylor JW et Bruns TD. 2014. Airborne bacterial communities in residences: Similarities and differences with fungi. PLoS ONE, 9 : e91283.

Adams RI, Sylvain I, Spilak MP, Taylor JW, Waring MS et Mendell MJ. 2020. Fungal signature of moisture damage in buildings: Identification by targeted and untargeted approaches with mycobiome data. Applied and Environmental Microbiology, 86 : e01047-20.

Adams RI, Bhangar S, Pasut W, Arens EA, Taylor JW, Lindow SE, Nazaroff WW et Bruns TD. 2015. Chamber bioaerosol study: Outdoor air and human occupants as sources of indoor airborne microbes. PLOS ONE, 10 : e0128022.

Alsved M, Bourouiba L, Duchaine C, Löndahl J, Marr LC, Parker ST, Prussin AJ et Thomas RJ. 2020. Natural sources and experimental generation of bioaerosols: Challenges and perspectives. Aerosol Science and Technology, 54 : 547–571.

Amarasekara RWK, Vithanage M, Samaraweera P, Goonetilleke A et Magana-Arachchi DN. 2021. Effect of traffic congestion and vegetation on airborne bacteria in a city of a developing country. Air Quality, Atmosphere & Health, 14 : 1103–1116.

American Academy of Allergy Asthma & Immunology. 2024. Allergen Defined. Consulté le 11 décembre 2025, https://www.aaaai.org/tools-for-the-public/allergy,-asthma-immunology-glossary/allergen-defined

Amin H, Šantl-Temkiv T, Cramer C, Vestergaard DV, Holst GJ, Elholm G, Finster K, Bertelsen RJ, Schlünssen V, Sigsgaard T et Marshall IPG. 2022. Cow farmers' homes host more diverse airborne bacterial communities than pig farmers' homes and suburban homes. Frontiers in Microbiology, 13 : 883991.

Argyropoulos CD, Skoulou V, Efthimiou G et Michopoulos AK. 2023. Airborne transmission of biological agents within the indoor built environment: a multidisciplinary review. Air Quality, Atmosphere and Health, 16 : 477–533.

Aydogdu H, Asan A et Tatman Otkun M. 2010. Indoor and outdoor airborne bacteria in child day-care centers in Edirne City (Turkey), seasonal distribution and influence of meteorological factors. Environmental Monitoring and Assessment, 164 : 53–66.

Bach H-J, Tomanova J, Schloter M et Munch JC. 2002. Enumeration of total bacteria and bacteria with genes for proteolytic activity in pure cultures and in environmental samples by quantitative PCR mediated amplification. Journal of Microbiological Methods, 49 : 235–245.

Bach J-F. 2002. The effect of infections on susceptibility to autoimmune and allergic diseases. The New England Journal of Medicine, 347 : 911–920.

Balyan P, Ghosh C, Das S et Banerjee BD. 2020. Spatio-temporal characterisation of bioaerosols at diverse outdoor land-use sites in an urban environment. Aerobiologia, 36 : 77–81.

Bar Dolev M, Braslavsky I et Davies PL. 2016. Ice-binding proteins and their function. Annual Review of Biochemistry, 85 : 515–542.

Barberán A, Ladau J, Leff JW, Pollard KS, Menninger HL, Dunn RR et Fierer N. 2015. Continental-scale distributions of dust-associated bacteria and fungi. Proceedings of the National Academy of Sciences, 112 : 5756–5761.

Bauer H, Kasper-Giebl A, Löflund M, Giebl H, Hitzenberger R, Zibuschka F et Puxbaum H. 2002. The contribution of bacteria and fungal spores to the organic carbon content of cloud water, precipitation and aerosols. Atmospheric Research, 64 : 109–119.

Begerow D, Nilsson H, Unterseher M et Maier W. 2010. Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. Applied Microbiology and Biotechnology, 87 : 99–108.

Bergeron K, Rossi F, Létourneau V, Larios Martínez AD, Godbout S, Fournel S et Duchaine C. 2024. Bioaerosols in eastern canadian dairy barns using tie- and free-stall housing. Applied Engineering in Agriculture, 40 : 111–122.

Bertolini V, Gandolfi I, Ambrosini R, Bestetti G, Innocente E, Rampazzo G et Franzetti A. 2013. Temporal variability and effect of environmental variables on airborne bacterial communities in an urban area of Northern Italy. Applied Microbiology and Biotechnology, 97 : 6561–6570.

Beutler B et Rietschel ET. 2003. Innate immune sensing and its roots: The story of endotoxin. Nature Reviews Immunology, 3 : 169–176.

Binder M, Justo A, Riley R, Salamov A, Lopez-Giraldez F, Sjökvist E, Copeland A, Foster B, Sun H, Larsson E, Larsson K-H, Townsend J, Grigoriev IV et Hibbett DS. 2013. Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. Mycologia, 105 : 1350–1373.

Bonifait L, Veillette M, Létourneau V, Grenier D et Duchaine C. 2014. Detection of *Streptococcus suis* in bioaerosols of swine confinement buildings. Applied and Environmental Microbiology, 80 : 3296–3304.

Booth TF, Kournikakis B, Bastien N, Ho J, Kobasa D, Stadnyk L, Li Y, Spence M, Paton S, Henry B, Mederski B, White D, Low DE, McGeer A, Simor A, Vearncombe M, Downey J, Jamieson FB, Tang P et Plummer F. 2005. Detection of airborne severe acute respiratory syndrome (SARS) coronavirus and environmental contamination in SARS outbreak units. The Journal of Infectious Diseases, 191 : 1472–1477.

Bowers RM, McLetchie S, Knight R et Fierer N. 2011a. Spatial variability in airborne bacterial communities across land-use types and their relationship to the bacterial communities of potential source environments. The ISME Journal, 5 : 601–612.

Bowers RM, Sullivan AP, Costello EK, Collett JL, Knight R et Fierer N. 2011b. Sources of bacteria in outdoor air across cities in the midwestern United States. Applied and Environmental Microbiology, 77 : 6350–6356.

Bowers RM, Clements N, Emerson JB, Wiedinmyer C, Hannigan MP et Fierer N. 2013. Seasonal variability in bacterial and fungal diversity of the near-surface atmosphere. Environmental Science & Technology, 47 : 12097–12106.

Bradshaw MJ, Aime MC, Rokas A, Maust A, Moparthi S, Jellings K, Pane AM, Hendricks D, Pandey B, Li Y et Pfister DH. 2023. Extensive intragenomic variation in the internal transcribed spacer region of fungi. iScience, 26 : 107317.

Brągoszewska E, Mainka A, Pastuszka JS, Lizończyk K et Desta YG. 2018. Assessment of bacterial aerosol in a preschool, primary school and high school in Poland. Atmosphere, 9 : 87.

Brandi G, Sisti M et Amagliani G. 2000. Evaluation of the environmental impact of microbial aerosols generated by wastewater treatment plants utilizing different aeration systems. Journal of Applied Microbiology, 88 : 845–852.

Braun-Fahrländer C, Riedler J, Herz U, Eder W, Waser M, Grize L, Maisch S, Carr D, Gerlach F, Bufe A, Lauener RP, Schierl R, Renz H, Nowak D, Mutius E von, et Allergy and Endotoxin Study Team. 2002. Environmental exposure to endotoxin and its relation to asthma in school-age children. The New England Journal of Medicine, 347 : 869–877.

Breed MF, Liddicoat C, Sun X, Ramesh S, Hawken S, Lee K, Brame J, Fickling NW, Kuhn E, Hayward C, Deshmukh S, Robinson K, Cando-Dumancela C et Robinson JM. 2025. Opportunities, challenges, and policy implications of the aerobiome paradigm shift. mSphere, 10 : e00203-25.

Brown JKM et Hovmøller MS. 2002. Aerial dispersal of pathogens on the global and continental scales and its impact on plant disease. Science, 297 : 537–541.

Burge H. 1990. Bioaerosols: prevalence and health effects in the indoor environment. The Journal of Allergy and Clinical Immunology, 86 : 687–701.

Burge HA et Solomon WR. 1987. Sampling and analysis of biological aerosols. Atmospheric Environment, 21 : 451–456.

Burge HA et Rogers CA. 2000. Outdoor allergens. Environmental Health Perspectives, 108 : 653–659.

Burrows SM, Elbert W, Lawrence MG et Pöschl U. 2009. Bacteria in the global atmosphere – Part 1: Review and synthesis of literature data for different ecosystems. Atmospheric Chemistry and Physics, 9 : 9263–9280.

Cáliz J, Triadó-Margarit X, Camarero L et Casamayor EO. 2018. A long-term survey unveils strong seasonal patterns in the airborne microbiome coupled to general and regional atmospheric circulations. Proceedings of the National Academy of Sciences, 115 : 12229–12234.

Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJA et Holmes SP. 2016. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nature Methods, 13 : 581–583.

Campos PM, Darwish N, Shao J et Proszkowiec-Weglarz M. 2022. Research Note: Choice of microbiota database affects data analysis and interpretation in chicken cecal microbiota. Poultry Science, 101 : 101971.

Chai A, Yuan L, Li X, Li L, Shi Y, Xie X et Li B. 2023. Effect of temperature and humidity on dynamics and transmission of *Pseudomonas amygdali* pv. *lachrymans* aerosols. Frontiers in Plant Science, 14 : 1087496.

Chakravorty S, Helb D, Burday M, Connell N et Alland D. 2007. A detailed analysis of 16S ribosomal RNA gene segments for the diagnosis of pathogenic bacteria. Journal of microbiological methods, 69 : 330–339.

Chen SC, Chio CP, Jou LJ et Liao CM. 2009. Viral kinetics and exhaled droplet size affect indoor transmission dynamics of influenza infection. Indoor Air, 19 : 401–413.

Chen X, Lv Y et Wang H. 2021. Study on indoor and outdoor fine particle exposure level, bacterial composition, and diversity in a severe cold region of China. International Journal of Agriculture and Biology, 25 : 521–529.

Chen Z, He Y et Bu H. 2025a. Association between sensitization to common fungi and severe asthma. Frontiers in Public Health, 13 : 1582643.

Chen Z, Crawford I, Matthews E, Flynn M, Bannan T, Cardenas L, West JS, Coe H, Topping D et Gallagher M. 2025b. Real-time field measurements of bioaerosols in the agricultural environment: Concentrations, components and environmental impacts. Journal of Environmental Management, 393 : 127033.

Church NA et McKillip JL. 2021. Antibiotic resistance crisis: Challenges and imperatives. Biologia, 76 : 1535–1550.

Clancy JH, Markey E, Martínez-Bracero M, Maya-Manzano JM, McGillicuddy EJ, Sewell G, Sarda-Estève R, Baisnée D, Vélez-Pereira AM, Davis G et O'Connor DJ. 2025. Comparative analysis of real-time fluorescence-based spectroscopic instruments: Bioaerosol detection in the urban environment of Dublin city, Ireland. Atmosphere, 16 : 275.

Clausen DS, Teichman S et Willis AD. 2025. Estimating fold changes from partially observed outcomes with applications in microbial metagenomics. arXiv.

Cox CS. 2020a. Chapter 3: Physical aspects of bioaerosols particles. Dans : Cox CS et Wathes CM éds. Bioaerosols handbook. CRC Press, London, p. 15–25.

Cox CS. 2020b. Chapter 6: Stability of airborne microbes and allergens. Dans : Cox CS et Wathes CM éds. Bioaerosols handbook. CRC Press, London, p. 77–99.

Cox CS et Wathes CM. 2020. Bioaerosols handbook. CRC Press, London, 621 p.

Crandall SG et Gilbert GS. 2017. Meteorological factors associated with abundance of airborne fungal spores over natural vegetation. Atmospheric Environment, 162 : 87–99.

Custovic A, Taggart SCO et Woodcock A. 1994. House dust mite and cat allergen in different indoor environments. Clinical & Experimental Allergy, 24 : 1164–1168.

Dai Y-C. 2010. *Hymenochaetaceae* (Basidiomycota) in China. Fungal Diversity, 45 : 131–343.

D'Amato G, Cecchi L, Bonini S, Nunes C, Annesi-Maesano I, Behrendt H, Liccardi G, Popov T et Van Cauwenberge P. 2007. Allergenic pollen and pollen allergy in Europe. Allergy, 62 : 976–990.

Damialis A et Gilles S. 2025. Air quality in the era of climate change: Bioaerosols, multi-exposures, and the emerging threats of respiratory allergies and infectious diseases. Current Opinion in Environmental Science & Health, 46 : 100634.

Davis NM, Proctor DM, Holmes SP, Relman DA et Callahan BJ. 2018. Simple statistical identification and removal of contaminant sequences in marker-gene and metagenomics data. Microbiome, 6 : 226.

Debarry J, Hanuszkiewicz A, Stein K, Holst O et Heine H. 2010. The allergy-protective properties of *Acinetobacter lwoffii* F78 are imparted by its lipopolysaccharide. Allergy, 65 : 690–697.

Debarry J, Garn H, Hanuszkiewicz A, Dickgreber N, Blümer N, Mutius E von, Bufe A, Gatermann S, Renz H, Holst O et Heine H. 2007. *Acinetobacter lwoffii* and *Lactococcus lactis* strains isolated from farm cowsheds possess strong allergy-protective properties. The Journal of Allergy and Clinical Immunology, 119 : 1514–1521.

Delves PJ, Martin SJ, Burton DR et Roitt IM. 2017. Roitt's essential immunology. Wiley Blackwell, Chichester, West Sussex, UK, 576 p.

Demuzere M, Kittner J, Martilli A, Mills G, Moede C, Stewart ID, Vliet J van et Bechtel B. 2022. A global map of local climate zones to support earth system modelling and urban-scale environmental science. Earth System Science Data, 14 : 3835–3873.

Depner M, Taft DH, Kirjavainen PV, Kalanetra KM, Karvonen AM, Peschel S, Schmausser-Hechfellner E, Roduit C, Frei R, Lauener R, Divaret-Chauveau A, Dalphin J-C, Riedler J, Roponen M, Kabesch M, Renz H, Pekkanen J, Farquharson FM, Louis P, Mills DA, Mutius E von et Ege MJ. 2020. Maturation of the gut

microbiome during the first year of life contributes to the protective farm effect on childhood asthma. Nature Medicine, 26 : 1766–1775.

Després VR, Nowoisky JF, Klose M, Conrad R, Andreae MO et Pöschl U. 2007. Characterization of primary biogenic aerosol particles in urban, rural, and high-alpine air by DNA sequence and restriction fragment analysis of ribosomal RNA genes. Biogeosciences, 4 : 1127–1141.

Després VR, Huffman JA, Burrows SM, Hoose C, Safatov AS, Buryak G, Fröhlich-Nowoisky J, Elbert W, Andreae MO, Pöschl U et Jaenicke R. 2012. Primary biological aerosol particles in the atmosphere: a review. Tellus B: Chemical and Physical Meteorology, 64 : 15598.

D'Halewyn M-A et Chevalier P. 2026. *Cladosporium cladosporioides* | INSPQ. Consulté le 25 août 2026, https://www.inspq.qc.ca/en/moulds/fact-sheets/cladosporium-cladosporioides

Douwes J. 2005. (1-->3)-Beta-D-glucans and respiratory health: a review of the scientific evidence. Indoor Air, 15 : 160–169.

Douwes J, Thorne P, Pearce N et Heederik D. 2003. Bioaerosol health effects and exposure assessment: Progress and prospects. The Annals of Occupational Hygiene, 47 : 187–200.

Dowd SE et Maier RM. 2000. Chapter 5: Aeromicrobiology. Dans : Pepper IL, *et al.* éds. Environmental Microbiology. Academic Press, San Diego, p. 585.

Duchaine C, Grimard Y et Cormier Y. 2000. Influence of building maintenance, environmental factors, and seasons on airborne contaminants of swine confinement buildings. American Industrial Hygiene Association Journal, 61 : 56–63.

Dybwad M, Skogan G et Blatny JM. 2014. Comparative testing and evaluation of nine different air samplers: End-to-end Sampling efficiencies as specific performance measurements for bioaerosol applications. Aerosol Science and Technology, 48 : 282–295.

Edwards DA, Man JC, Brand P, Katstra JP, Sommerer K, Stone HA, Nardell E et Scheuch G. 2004. Inhaling to mitigate exhaled bioaerosols. Proceedings of the National Academy of Sciences, 101 : 17383–17388.

Ege MJ, Mayer M, Normand A-C, Genuneit J, Cookson WOCM, Braun-Fahrländer C, Heederik D, Piarroux R et Von Mutius E. 2011. Exposure to environmental microorganisms and childhood asthma. New England Journal of Medicine, 364 : 701–709.

Ehrenstein V, Mutius V, Illi, Baumann, Böhm et Kries V. 2000. Reduced risk of hay fever and asthma among children of farmers. Clinical & Experimental Allergy, 30 : 187–193.

Eisenbarth SC, Piggott DA, Huleatt JW, Visintin I, Herrick CA et Bottomly K. 2002. Lipopolysaccharide-enhanced, toll-like receptor 4-dependent T helper cell type 2 responses to inhaled antigen. Journal of Experimental Medicine, 196 : 1645–1651.

Elbert W, Taylor PE, Andreae MO et Pöschl U. 2007. Contribution of fungi to primary biogenic aerosols in the atmosphere: Wet and dry discharged spores, carbohydrates, and inorganic ions. Atmospheric Chemistry and Physics, 7 : 4569–4588.

Fang Z, Ouyang Z, Zheng H, Wang X et Hu L. 2007. Culturable airborne bacteria in outdoor environments in Beijing, China. Microbial Ecology, 54 : 487–496.

Faridi S, Hassanvand MS, Naddafi K, Yunesian M, Nabizadeh R, Sowlat MH, Kashani H, Gholampour A, Niazi S, Zare A, Nazmara S et Alimohammadi M. 2015. Indoor/outdoor relationships of bioaerosol

concentrations in a retirement home and a school dormitory. Environmental Science and Pollution Research, 22 : 8190–8200.

Feng X, Xu X, Yao X, Zhao Y, Tang Y, Zhao Z, Wei Y, Mehmood T et Luo X-S. 2024. Sources, compositions, spatio-temporal distributions, and human health risks of bioaerosols: A review. Atmospheric Research, 305 : 107453.

Fernandes A, Macklaim J, Linn T, Reid G et Gloor B. 2013. ANOVA-like differential gene expression analysis of single-organism and meta-RNA-seq. PLoS ONE, 8 : e67019.

Fetters AM et Ashman T-L. 2023. The pollen virome: A review of pollen-associated viruses and consequences for plants and their interactions with pollinators. American Journal of Botany, 110 : e16144.

Fierer N, Liu Z, Rodríguez-Hernández M, Knight R, Henn M et Hernandez MT. 2008. Short-term temporal variability in airborne bacterial and fungal populations. Applied and Environmental Microbiology, 74 : 200–207.

Fischer G, Müller T, Schwalbe R, Ostrowski R et Dott W. 2000. Exposure to airborne fungi, MVOC and mycotoxins in biowaste-handling facilities. International Journal of Hygiene and Environmental Health, 203 : 97–104.

Flies EJ, Clarke LJ, Brook BW et Jones P. 2020a. Urbanisation reduces the abundance and diversity of airborne microbes - but what does that mean for our health? A systematic review. Science of The Total Environment, 738 : 140337.

Flies EJ, Jones P, Buettel JC et Brook BW. 2020b. Compromised ecosystem services from urban aerial microbiomes: A review of impacts on human immune function. Frontiers in Ecology and Evolution, 8 : 568902.

Fox GE, Magrum LJ, Balch WE, Wolfe RS et Woese CR. 1977. Classification of methanogenic bacteria by 16S ribosomal RNA characterization. Proceedings of the National Academy of Sciences, 74 : 4537–4541.

Frankel M, Bekö G, Timm M, Gustavsen S, Hansen EW et Madsen AM. 2012. Seasonal variations of indoor microbial exposures and their relation to temperature, relative humidity, and air exchange rate. Applied and Environmental Microbiology, 78 : 8289–8297.

Franzetti A, Gandolfi I, Gaspari E, Ambrosini R et Bestetti G. 2011. Seasonal variability of bacteria in fine and coarse urban air particulate matter. Applied Microbiology and Biotechnology, 90 : 745–753.

Fujiyoshi S, Tanaka D et Maruyama F. 2017. Transmission of airborne bacteria across built environments and its measurement standards: A review. Frontiers in Microbiology, 8 .

Gallego-Cartagena E, Morgado-Gamero W, Moya-Hernández I de, Díaz-Uribe C, Parody A, Morillas H, Bayona-Pacheco B, Pellegrin G et Agudelo-Castañeda D. 2025. Urbanisation and lockdown impact on airborne fungal communities in tropical landscapes: A comparative study of urban and peri-urban environments. Environmental Microbiology Reports, 17 : e70078.

Gandolfi I, Bertolini V, Ambrosini R, Bestetti G et Franzetti A. 2013. Unravelling the bacterial diversity in the atmosphere. Applied Microbiology and Biotechnology, 97 : 4727–4736.

Gandolfi I, Bertolini V, Bestetti G, Ambrosini R, Innocente E, Rampazzo G, Papacchini M et Franzetti A. 2015a. Spatio-temporal variability of airborne bacterial communities and their correlation with particulate matter chemical composition across two urban areas. Applied Microbiology and Biotechnology, 99 : 4867–4877.

Gandolfi I, Bertolini V, Bestetti G, Ambrosini R, Innocente E, Rampazzo G, Papacchini M et Franzetti A. 2015b. Spatio-temporal variability of airborne bacterial communities and their correlation with particulate matter chemical composition across two urban areas. Applied Microbiology and Biotechnology, 99 : 4867–4877.

Gashi N, Szőke Z, Fauszt P, Dávid P, Mikolás M, Gál F, Stündl L, Remenyik J et Paholcsek M. 2025. Bioaerosols in agriculture: A comprehensive approach for sustainable crop health and environmental balance. Agronomy, 15 : 1003.

Gatta E, Abd El E, Brunoldi M, Irfan M, Isolabella T, Massabò D, Parodi F, Prati P, Vernocchi V et Mazzei F. 2025. Viability studies of bacterial strains exposed to nitrogen oxides and light in controlled atmospheric conditions. Scientific Reports, 15 : 10320.

Gellie NJC, Mills JG, Breed MF et Lowe AJ. 2017. Revegetation rewilds the soil bacterial microbiome of an old field. Molecular Ecology, 26 : 2895–2904.

George PBL, Rossi F, Veillette M, Cayouette AB, Leclerc S, Dumais C, Turgeon N et Duchaine C. 2024. Rare taxa are key links in regional antimicrobial resistance profiles in dusts across diverse North American regions. Environmental DNA, 6 : e70049.

Gerretsen VIV et Schuijs MJ. 2022. The role of LPS and CpG in the farm effect against allergies, and beyond. Allergologie, 45 : 244–251.

Gloster J, Williams P, Doel C, Esteves I, Coe H et Valarcher J-F. 2007. Foot-and-mouth disease – Quantification and size distribution of airborne particles emitted by healthy and infected pigs. The Veterinary Journal, 174 : 42–53.

Governement of Canada. 2026. Historical Data - Climate - Environment and Climate Change Canada. Consulté le 11 mars 2026, https://climate.weather.gc.ca/historical_data/search_historic_data_e.html

Government of Canada. 2006. Canada's Clean Air act. Ottawa, 5 p.

Government of Canada. 2023. The Daily — Deaths, 2021. Consulté le 26 mai 2026, https://www150.statcan.gc.ca/n1/daily-quotidien/230828/dq230828b-eng.htm

Government of Canada SC. 2022. Census Profile, 2021 Census of Population, Search results. Consulté le 23 août 2026, https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/index-eng.cfm

Grewling Ł, Magyar D, Chłopek K, Grinn-Gofroń A, Gwiazdowska J, Siddiquee A, Ianovici N, Kasprzyk I, Wójcik M, Lafférsová J, Majkowska-Wojciechowska B, Myszkowska D, Rodinkova V, Bortnyk M, Malkiewicz M, Piotrowska-Weryszko K, Sulborska-Różycka A, Rybniček O, Ščevková J, Šikoparija B, Skjøth CA, Smith M et Bogawski P. 2022. Bioaerosols on the atmospheric super highway: An example of long distance transport of *Alternaria* spores from the Pannonian Plain to Poland. Science of The Total Environment, 819 : 153148.

Habibi N, Uddin S, Al-Salameen F, Al-Amad S, Kumar V, Al-Otaibi M, Razzack NA, Shajan A et Shirshikar F. 2021. SARS-CoV-2, other respiratory viruses and bacteria in aerosols: Report from Kuwait's hospitals. Indoor Air, 31 : 1815–1825.

Haig CW, Mackay WG, Walker JT et Williams C. 2016. Bioaerosol sampling: Sampling mechanisms, bioefficiency and field studies. Journal of Hospital Infection, 93 : 242–255.

Han XY, Pham AS, Tarrand JJ, Sood PK et Luthra R. 2002. Rapid and accurate identification of mycobacteria by sequencing hypervariable regions of the 16S ribosomal RNA gene. American Journal of Clinical Pathology, 118 : 796–801.

Hassett MO, Fischer MWF et Money NP. 2015. Mushrooms as rainmakers: How spores act as nuclei for raindrops. PLoS ONE, 10 : e0140407.

He Q, Wang Z, Liu H, Xu P, Duan R, Xu C, Chen J et Wei M. 2024. Influence of terrestrial and marine air mass on the constituents and intermixing of bioaerosols over a coastal atmosphere. Atmospheric Chemistry and Physics, 24 : 12775–12792.

Heinonen-Tanski H, Reponen T et Koivunen J. 2009. Airborne enteric coliphages and bacteria in sewage treatment plants. Water Research, 43 : 2558–2566.

Heo KJ, Lim CE, Kim HB et Lee BU. 2017. Effects of human activities on concentrations of culturable bioaerosols in indoor air environments. Journal of Aerosol Science, 104 : 58–65.

Heseltine E, Rosen J, et World Health Organization. 2009. WHO guidelines for indoor air quality: dampness and mould. WHO Regional Office for Europe, Copenhagen, 1 p.

Hinds WC. 1999. Aerosol Technology: Properties, behavior, and measurement of airborne particles. John Wiley & Sons, Inc, Hoboken, NJ, 483 p.

Hinds WC et Zhu Y. 2022. Aerosol Technology: Properties, behavior, and measurement of airborne particles. John Wiley & Sons, Hoboken, NJ, 425 p.

Hirst JM. 2020. Bioaerosols: introduction, retrospect and prospect. Dans : Bioaerosols handbook. CRC Press, Boca Raton, p. 5–14.

Hospodsky D, Qian J, Nazaroff WW, Yamamoto N, Bibby K, Rismani-Yazdi H et Peccia J. 2012. Human occupancy as a source of indoor airborne bacteria. PLOS ONE, 7 : e34867.

Hou J, Fujiyoshi S, Perera IU, Nishiuchi Y, Nakajima M, Ogura D, Yarimizu K et Maruyama F. 2023. Perspectives on sampling and new generation sequencing methods for low-biomass bioaerosols in atmospheric environments. Journal of the Indian Institute of Science, 103 : 687–697.

Hsu T, Joice R, Vallarino J, Abu-Ali G, Hartmann EM, Shafquat A, DuLong C, Baranowski C, Gevers D, Green JL, Morgan XC, Spengler JD et Huttenhower C. 2016. Urban transit system microbial communities differ by surface type and interaction with humans and the environment. mSystems, 1 : e00018-16.

Humbal C, Gautam S, Joshi SK et Rajput MS. 2020. Spatial variation of airborne allergenic fungal spore in the ambient PM2.5 - A study in Rajkot City, western part of India. Dans : Gupta T, *et al.* éds. Measurement, Analysis and Remediation of Environmental Pollutants. Singapore, p. 199–209.

Ibal JC, Pham HQ, Park CE et Shin J-H. 2019. Information about variations in multiple copies of bacterial 16S rRNA genes may aid in species identification. PLOS ONE, 14 : e0212090.

Ijaz MK, Karim YG, Sattar SA et Johnson-Lussenburg CM. 1987. Development of methods to study the survival of airborne viruses. Journal of Virological Methods, 18 : 87–106.

IQair. 2026. IQAir: Live updates, news and high-performance products | IQAir Canada. Consulté le 24 août 2026, https://www.iqair.com/ca/

Ivanova M, Stoyancheva G, Dishliyska V, Miteva-Staleva J, Abrashev R, Spasova B, Gocheva Y, Yovchevska L, Satchanska G, Angelova M et Krumova E. 2025. Composition and occurrence of airborne fungi in two urbanized areas of the city of Sofia, Bulgaria. Applied Microbiology, 5 : 96.

Jang GI, Hwang CY et Cho BC. 2017. Effects of heavy rainfall on the composition of airborne bacterial communities. Frontiers of Environmental Science & Engineering, 12 : 12.

Jiang F et Yan A. 2022. Correlation of pollen concentration and meteorological factors with medical condition of allergic rhinitis in Shenyang area. Computational and Mathematical Methods in Medicine, 2022 : 4619693.

Jiang S, Sun B, Zhu R, Che C, Ma D, Wang R et Dai H. 2022a. Airborne microbial community structure and potential pathogen identification across the PM size fractions and seasons in the urban atmosphere. Science of The Total Environment, 831 : 154665.

Jiang X, Wang C, Guo J, Hou J, Guo X, Zhang H, Tan J, Li M, Li X et Zhu H. 2022b. Global meta-analysis of airborne bacterial communities and associations with anthropogenic activities. Environmental Science & Technology, 56 : 9891–9902.

Jo J, Oh J et Park C. 2020. Microbial community analysis using high-throughput sequencing technology: a beginner's guide for microbiologists. Journal of Microbiology, 58 : 176–192.

Jo W-K et Seo Y-J. 2005. Indoor and outdoor bioaerosol levels at recreation facilities, elementary schools, and homes. Chemosphere, 61 : 1570–1579.

Johnson D, Lynch R, Marshall C, Mead K et Hirst D. 2013. Aerosol generation by modern flush toilets. Aerosol Science and Technology, 47 : 1047–1057.

Joly M, Attard E, Sancelme M, Deguillaume L, Guilbaud C, Morris CE, Amato P et Delort A-M. 2013. Ice nucleation activity of bacteria isolated from cloud water. Atmospheric Environment, 70 : 392–400.

Joung YS, Ge Z et Buie CR. 2017. Bioaerosol generation by raindrops on soil. Nature Communications, 8 : 14668.

Just N, Blais Lecours P, Marcoux-Voiselle M, Kirychuk S, Veillette M, Singh B et Duchaine C. 2013. Archaeal characterization of bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations. Canadian Journal of Microbiology, 59 : 46–50.

Kalogerakis N, Paschali D, Lekaditis V, Pantidou A, Eleftheriadis K et Lazaridis M. 2005. Indoor air quality—bioaerosol measurements in domestic and office premises. Journal of Aerosol Science, 36 : 751–761.

Karlsson E, Johansson A-M, Ahlinder J, Lundkvist MJ, Singh NJ, Brodin T, Forsman M et Stenberg P. 2020. Airborne microbial biodiversity and seasonality in Northern and Southern Sweden. PeerJ, 8 : e8424.

Kembel SW, Jones E, Kline J, Northcutt D, Stenson J, Womack AM, Bohannan BJ, Brown GZ et Green JL. 2012. Architectural design influences the diversity and structure of the built environment microbiome. The ISME journal, 6 : 1469–1479.

Khmelevtsova LE, Sazykin IS, Azhogina TN et Sazykina MA. 2022. Influence of agricultural practices on bacterial community of cultivated soils. Agriculture, 12 : 371.

Kim K-H, Kabir E et Jahan SA. 2018. Airborne bioaerosols and their impact on human health. Journal of Environmental Sciences, 67 : 23–35.

Kindt TJ, Goldsby RA et Osborne BA. 2007. Immunologie : Le cours de Janis Kuby avec questions de révisions. W.H. Freeman, New York, NY, 684 p.

Klindworth A, Pruesse E, Schweer T, Peplies J, Quast C, Horn M et Glöckner FO. 2013. Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. Nucleic Acids Research, 41 : e1.

Kolbert CP et Persing DH. 1999. Ribosomal DNA sequencing as a tool for identification of bacterial pathogens. Current Opinion in Microbiology, 2 : 299–305.

Kowalski M et Pastuszka JS. 2018. Effect of ambient air temperature and solar radiation on changes in bacterial and fungal aerosols concentration in the urban environment. Annals of agricultural and environmental medicine, 25 : 259–261.

Kraaijeveld K, Weger LA de, Ventayol García M, Buermans H, Frank J, Hiemstra PS et Dunnen JT den. 2015. Efficient and sensitive identification and quantification of airborne pollen using next-generation DNA sequencing. Molecular Ecology Resources, 15 : 8–16.

Kurkela T. 1997. The number of *Cladosporium* conidia in the air in different weather conditions. Grana, 36 : 54–61.

Lacey J et Dutkiewicz J. 1994. Bioaerosols and occupational lung disease. Journal of Aerosol Science, 25 : 1371–1404.

Lacey J et Venette J. 2020. Chapter 16: Outdoor air sampling techniques. Dans : Cox CS et Wathes CM éds. Bioaerosols handbook. CRC Press, London, p. 407–471.

Lagomarsino Oneto D, Golan J, Mazzino A, Pringle A et Seminara A. 2020. Timing of fungal spore release dictates survival during atmospheric transport. Proceedings of the National Academy of Sciences, 117 : 5134–5143.

Lahti L et Shetty S. 2012. Microbiome R package.

Lai N, Tian S, Wang S, Wang X, Chen R, Liu Y, Yang H, Wang M, Cai X, Yao W, Li S, Xiao Y, Li C, Han Y, Jiang C, Song W et Ma J. 2026. Influences of environmental factors on the microbial community characteristics of bioaerosols in a cold region. Journal of Environmental Sciences, 164 : 452–463.

Lau APS, Lee AKY, Chan CK et Fang M. 2006. Ergosterol as a biomarker for the quantification of the fungal biomass in atmospheric aerosols. Atmospheric Environment, 40 : 249–259.

Lavoie J, Cloutier Y, Lara J et Marchand G. 2007. Études et recherches : Guide sur la protection respiratoire contre les bioaérosols. Institut de recherche Robert-Sauvé en santé et en sécurité du travail, Montréal, 30 p.

Leducq J-B, St-Amand L-P, Ross D et Kembel SW. 2026. A phylogenomic and metagenomic meta-analysis of bacterial diversity in the phyllosphere lifts a veil on *hyphomicrobiales* dark matter. Systematic and Applied Microbiology, 49 : 126697.

Lee BG, Yang JI, Kim E, Geum SW, Park J-H et Yeo M-K. 2021. Investigation of bacterial and fungal communities in indoor and outdoor air of elementary school classrooms by 16S rRNA gene and ITS region sequencing. Indoor Air, 31 : 1553–1562.

Lee S-H, Lee H-J, Kim S-J, Lee HM, Kang H et Kim YP. 2010. Identification of airborne bacterial and fungal community structures in an urban area by T-RFLP analysis and quantitative real-time PCR. Science of The Total Environment, 408 : 1349–1357.

Lepore C, Abernathey R, Henderson N, Allen JT et Tippett MK. 2021. Future global convective environments in CMIP6 models. Earth's Future, 9 : e2021EF002277.

Li D-W. 2005. Release and dispersal of basidiospores from *Amanita muscaria* var. *alba* and their infiltration into a residence. Mycological Research, 109 : 1235–1242.

Li H, Zhou X-Y, Yang X-R, Zhu Y-G, Hong Y-W et Su J-Q. 2019. Spatial and seasonal variation of the airborne microbiome in a rapidly developing city of China. Science of The Total Environment, 665 : 61–68.

Li M, Qi J, Zhang H, Huang S, Li L et Gao D. 2011. Concentration and size distribution of bioaerosols in an outdoor environment in the Qingdao coastal region. Science of The Total Environment, 409 : 3812–3819.

Li M, Chen L, Zhao F, Tang J, Bu Q, Wang X et Yang L. 2023. Effects of urban–rural environmental gradient on soil microbial community in rapidly urbanizing area. Ecosystem Health and Sustainability, 9 : 0118.

Lighthart B. 1994. Physics of microbial bioaerosols. Dans : Lighthart B et Mohr AJ éds. Atmospheric Microbial Aerosols : Theory and applications. Chapman & Hall, New York, p. 5–27.

Lighthart B et Shaffer BT. 1997. Increased airborne bacterial survival as a function of particle content and size. Aerosol Science and Technology, 27 : 439–446.

Lin H et Peddada SD. 2020. Analysis of compositions of microbiomes with bias correction. Nature Communications, 11 : 3514.

Lindemann J, Constantinidou HA, Barchet WR et Upper CD. 1982. Plants as sources of airborne bacteria, including ice nucleation active bacteria. Applied and Environmental Microbiology, 44 : 1059–1063.

Lindow SE et Leveau JHJ. 2002. Phyllosphere microbiology. Current Opinion in Biotechnology, 13 : 238–243.

Liu J, Pankhurst LJ, Deacon LJ, Abate W, Hayes ET, Drew GH, Longhurst PJ, Pollard S, Longhurst J, Tyrrel SF et Jackson SK. 2011. Evaluation of inflammatory effects of airborne endotoxin emitted from composting sources. Environmental Toxicology and Chemistry, 30 : 602–606.

Lu R, Frederiksen MW, Uhrbrand K, Li Y, Østergaard C et Madsen AM. 2020. Wastewater treatment plant workers' exposure and methods for risk evaluation of their exposure. Ecotoxicology and Environmental Safety, 205 : 111365.

Lu Y-C, Yeh W-C et Ohashi PS. 2008. LPS/TLR4 signal transduction pathway. Cytokine, 42 : 145–151.

Lymperopoulou DS, Adams RI et Lindow SE. 2016. Contribution of vegetation to the microbial composition of nearby outdoor air. Applied and Environmental Microbiology, 82 : 3822–3833.

Mack SM, Madl AK et Pinkerton KE. 2019. Respiratory health effects of exposure to ambient particulate matter and bioaerosols. Comprehensive Physiology, 10 : 1.

Madelin TM et Madelin MF. 2020. Chapter 14: Biological analysis of fungi and associated molds. Dans : Cox CS et Wathes CM éds. Bioaerosols Handbooks. London, p. 361–386.

Marczylo E, Macchiarulo S, Isaac J, Brookes J, Carruthers J, Finnie T, Patel KV, Crook B et Douglas P. 2025. The urban mycobiome of transport environments: Characterising the fungal composition of passive dust samples collected in railway stations in England. Science of the Total Environment, 996 : 180086.

Martin M. 2011. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. EMBnet.journal, 17 : 10–12.

Mbareche H, Brisebois E, Veillette M et Duchaine C. 2017. Bioaerosol sampling and detection methods based on molecular approaches: No pain no gain. Science of The Total Environment, 599–600 : 2095–2104.

Mbareche H, Duchaine C, Veillette M et Bilodeau GJ. 2018. Bioaerosol sampler choice should consider efficiency and ability of samplers to cover microbial diversity. Applied and Environmental Microbiology, 84 : e01589-18.

Mbareche H, Veillette M, Dion-Dupont V, Lavoie J et Duchaine C. 2022. Microbial composition of bioaerosols in indoor wastewater treatment plants. Aerobiologia, 38 : 35–50.

McMurdie PJ et Holmes S. 2013. Phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. PLOS ONE, 8 : e61217.

Meadow JF, Altrichter AE, Kembel SW, Kline J, Mhuireach G, Moriyama M, Northcutt D, O'Connor TK, Womack AM, Brown GZ, Green JL et Bohannan BJM. 2014. Indoor airborne bacterial communities are influenced by ventilation, occupancy, and outdoor air source. Indoor Air, 24 : 41–48.

Mechoud MA, Mateos MV, Valdez GF de, Villena J, Salvador GA et Rodriguez AV. 2012. *Lactobacillus reuteri* CRL1098 soluble factors modulate tumor necrosis factor alpha production in peripheral blood mononuclear cells: Involvement of lipid rafts. International Immunopharmacology, 14 : 446–453.

Mhuireach G, Johnson BR, Altrichter AE, Ladau J, Meadow JF, Pollard KS et Green JL. 2016. Urban greenness influences airborne bacterial community composition. Science of the Total Environment, 571 : 680–687.

Mhuireach GÁ, Betancourt-Román CM, Green JL et Johnson BR. 2019. Spatiotemporal controls on the urban aerobiome. Frontiers in Ecology and Evolution, 7 : 43.

Miletto M et Lindow SE. 2015. Relative and contextual contribution of different sources to the composition and abundance of indoor air bacteria in residences. Microbiome, 3 : 61–61.

Mills JG, Weinstein P, Gellie NJC, Weyrich LS, Lowe AJ et Breed MF. 2017. Urban habitat restoration provides a human health benefit through microbiome rewilding: the Microbiome Rewilding Hypothesis. Restoration Ecology, 25 : 866–872.

Mirhoseini SH, Nikaeen M, Satoh K et Makimura K. 2016. Assessment of airborne particles in indoor environments: Applicability of particle counting for prediction of bioaerosol concentrations. Aerosol and Air Quality Research, 16 : 1903–1910.

Møller SA, Frederiksen MW, Rasmussen PU, Østergaard SK, Nielsen JL et Madsen AM. 2025. Characterization of bioaerosol exposures in wastewater treatment plant workers and serum levels of lung and inflammatory markers. Journal of Hazardous Materials, 487 .

Morris CE, Conen F, Alex Huffman J, Phillips V, Pöschl U et Sands DC. 2014. Bioprecipitation: a feedback cycle linking Earth history, ecosystem dynamics and land use through biological ice nucleators in the atmosphere. Global Change Biology, 20 : 341–351.

Morton JT, Toran L, Edlund A, Metcalf JL, Lauber C et Knight R. 2017. Uncovering the horseshoe effect in microbial analyses. mSystems, 2 : e00166-16.

Mutius E von, Braun-Fahrländer C, Schierl R, Riedler J, Ehlermann S, Maisch S, Waser M et Nowak D. 2000. Exposure to endotoxin or other bacterial components might protect against the development of atopy. Clinical and Experimental Allergy: Journal of the British Society for Allergy and Clinical Immunology, 30 : 1230–1234.

Muyshondt B, Wuyts K, Van Mensel A, Smets W, Lebeer S, Aleixo C, Alós Ortí M, Casanelles-Abella J, Chiron F, Giacomo P, Laanisto L, Moretti M, Niinemets Ü, Pinho P, Tryjanowski P, Woszczyło P et Samson R. 2022. Phyllosphere bacterial communities in urban green areas throughout Europe relate to urban intensity. FEMS microbiology ecology, 98 : fiac106.

Nazaroff WW. 2016. Indoor bioaerosol dynamics. Indoor Air, 26 : 61–78.

Nehmé B, Gilbert Y, Létourneau V, Forster RJ, Veillette M, Villemur R et Duchaine C. 2009. Culture-independent characterization of archaeal biodiversity in swine confinement building bioaerosols. Applied and Environmental Microbiology, 75 : 5445–5450.

Niu M, Zhou F, Yang Y, Sun Y, Zhu T et Shen F. 2021. Abundance and composition of airborne archaea during springtime mixed dust and haze periods in Beijing, China. Science of The Total Environment, 752 : 141641.

Oksanen J, Simpson GL, Blanchet FG, Kindt R, Legendre P, Minchin PR, O'Hara RB, Solymos P, Stevens MHH, Szoecs E, Wagner H, Barbour M, Bedward M, Bolker B, Borcard D, Carvalho G, Chirico M, Caceres MD, Durand S, Evangelista HBA, FitzJohn R, Friendly M, Furneaux B, Hannigan G, Hill MO, Lahti L, McGlinn D, Ouellette M-H, Cunha ER, Smith T, Stier A, Braak CJFT et Weedon J. 2024. Vegan: community ecology package.

Oliveira M, Ribeiro H, Delgado JL et Abreu I. 2009. The effects of meteorological factors on airborne fungal spore concentration in two areas differing in urbanisation level. International Journal of Biometeorology, 53 : 61–73.

Olsen Y, Arildskov E, Hansen SN, Pedersen M, Dharmage SC, Kloster M et Sigsgaard T. 2023. Outdoor *Alternaria* and *Cladosporium* spores and acute asthma. Clinical & Experimental Allergy, 53 : 1256–1267.

Pavuluri CM, Venkata Mohan S et Reddy S. 2005. Assessment of microbial (bacteria) concentrations of ambient air at semi-arid urban region: Influence of meteorological factors. Applied Ecology and Environmental Research, 3 : 139–149.

Pepper IL et Gerba CP. 2015. Chapter 5 - Aeromicrobiology. Dans : Pepper IL, *et al.* éds. Environmental Microbiology (Third Edition). Academic Press, San Diego, p. 89–110.

Pilote J, Létourneau V, Girard M et Duchaine C. 2019. Quantification of airborne dust, endotoxins, human pathogens and antibiotic and metal resistance genes in Eastern Canadian swine confinement buildings. Aerobiologia, 35 : 283–296.

Poirier S, Rondeau-Leclaire J, Faticov M, Roy A, Lajeunesse G, Lucier J-F, Tardif S, Kembel SW, Ziter C, Laprise C, Paquette A, Girard C et Laforest-Lapointe I. 2026. Season and city shape urban bioaerosol composition beyond vegetation and socioeconomic gradients. Science of The Total Environment, 1023 : 181623.

Pomés A, Chapman MD et Wünschmann S. 2016. Indoor allergens and allergic respiratory disease. Current Allergy and Asthma Reports, 16 : 43.

Posit team. 2026. RStudio: Integrated development environment for R. Posit Software, PBC, Boston, MA.

Promotion Saguenay. Industrie forestière. Consulté le 23 août 2026, https://promotion.saguenay.ca/fr/choisir-saguenay/nos-secteurs-cles/industrie-forestiere

Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, Gerken J, Schweer T, Yarza P, Peplies J et Glöckner FO. 2013. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. Nucleic Acids Research, 41 : D590–D596.

R Core Team. 2025. R : A language and environment for statistical computing. R foundation for statistical computing, Vienna, Austria.

Rai S, Singh DK et Kumar A. 2021. Microbial, environmental and anthropogenic factors influencing the indoor microbiome of the built environment. Journal of Basic Microbiology, 61 : 267–292.

Rathnayake CM, Metwali N, Baker Z, Jayarathne T, Kostle PA, Thorne PS, O'Shaughnessy PT et Stone EA. 2016. Urban enhancement of PM10 bioaerosol tracers relative to background locations in the midwestern United States. Journal of geophysical research Atmospheres : JGR, 121 : 5071–5089.

Reyes R, Ahn R, Thurber K et Burke TF. 2012. Urbanization and infectious diseases: General principles, historical perspectives, and contemporary challenges. Challenges in Infectious Diseases, 123–146.

Reynolds SJ, Black DW, Borin SS, Breuer G, Burmeister LF, Fuortes LJ, Smith TF, Stein MA, Subramanian P, Thorne PS et Whitten P. 2001. Indoor environmental quality in six commercial office buildings in the midwest United States. Applied Occupational and Environmental Hygiene, 16 : 1065–1077.

Riedler J, Braun-Fahrländer C, Eder W, Schreuer M, Waser M, Maisch S, Carr D, Schierl R, Nowak D, Mutius E von, et ALEX Study Team. 2001. Exposure to farming in early life and development of asthma and allergy: a cross-sectional survey. Lancet (London, England), 358 : 1129–1133.

Rintala H, Pitkäranta M, Toivola M, Paulin L et Nevalainen A. 2008. Diversity and seasonal dynamics of bacterial community in indoor environment. BMC Microbiology, 8 : 56.

Rio Tinto. 2024. Saguenay–Lac-Saint-Jean. Consulté le 30 mars 2026, https://www.riotinto.com/en/operations/canada/saguenay

Ritchie H, Samborska V et Roser M. 2018. Urbanization. Consulté le 8 septembre 2025, https://ourworldindata.org/urbanization

Robinson JM et Breed MF. 2023. The aerobiome–health axis: A paradigm shift in bioaerosol thinking. Trends in Microbiology, 31 : 661–664.

Robinson JM, Cando-Dumancela C, Antwis RE, Cameron R, Liddicoat C, Poudel R, Weinstein P et Breed MF. 2021. Exposure to airborne bacteria depends upon vertical stratification and vegetation complexity. Scientific Reports, 11 : 9516.

Robitaille É. 2011. Portrait de l'environnement bâti et de l'environnement des services. Direction du développement des individus et des communautés, Québec, 71 p.

Rogers CA. 1997. An aeropalynological study of metropolitan Toronto. Aerobiologia, 13 : 243–257.
Romano S. 2023. Bioaerosols: Composition, meteorological impact, and transport. Atmosphere, 14 : 590.

Romano S, Pepkolaj L, Fragola M, Peccarrisi D, Dhimitri J, Buccolieri A, Talà A, Alifano P, Quarta G et Calcagnile L. 2024. Comparative analysis of airborne bacterial and fungal communities in South-Eastern Italy and in Albania using the compositional analysis of 16S and ITS rRNA gene sequencing datasets. Atmosphere, 15 : 1155.

Rooij MMT de, Hoek G, Schmitt H, Janse I, Swart A, Maassen CBM, Schalk M, Heederik DJJ et Wouters IM. 2019. Insights into livestock-related microbial concentrations in air at residential level in a livestock dense area. Environmental Science & Technology, 53 : 7746–7758.

Rook G a. W, Raison CL et Lowry CA. 2014. Microbial « old friends », immunoregulation and socioeconomic status. Clinical and Experimental Immunology, 177 : 1–12.

Ross MA, Curtis L, Scheff PA, Hryhorczuk DO, Ramakrishnan V, Wadden RA et Persky VW. 2000a. Association of asthma symptoms and severity with indoor bioaerosols. Allergy, 55 : 705–711.

Ross MA, Curtis L, Scheff PA, Hryhorczuk DO, Ramakrishnan V, Wadden RA et Persky VW. 2000b. Association of asthma symptoms and severity with indoor bioaerosols. Allergy, 55 : 705–711.

Rossi F, Péguilhan R, Turgeon N, Veillette M, Baray J-L, Deguillaume L, Amato P et Duchaine C. 2023. Quantification of antibiotic resistance genes (ARGs) in clouds at a mountain site (puy de Dôme, central France). Science of The Total Environment, 865 : 161264.

Ruiz-Gil T, Acuña JJ, Fujiyoshi S, Tanaka D, Noda J, Maruyama F et Jorquera MA. 2020. Airborne bacterial communities of outdoor environments and their associated influencing factors. Environment International, 145 : 106156.

Salmaki Y, Jamzad Z, Zarre S et Bräuchler C. 2008. Pollen morphology of *Stachys* (Lamiaceae) in Iran and its systematic implication. Flora - Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants, 203 : 627–639.

Samaké A, Bonin A, Jaffrezo J-L, Taberlet P, Weber S, Uzu G, Jacob V, Conil S et Martins JMF. 2020. High levels of primary biogenic organic aerosols are driven by only a few plant-associated microbial taxa. Atmospheric Chemistry and Physics, 20 : 5609–5628.

Šantl-Temkiv T, Amato P, Casamayor EO, Lee PKH et Pointing SB. 2022. Microbial ecology of the atmosphere. FEMS microbiology reviews, 46 : fuac009.

Šantl-Temkiv T, Sikoparija B, Maki T, Carotenuto F, Amato P, Yao M, Morris CE, Schnell R, Jaenicke R, Pöhlker C, DeMott PJ, Hill TCJ et Huffman JA. 2020. Bioaerosol field measurements: Challenges and perspectives in outdoor studies. Aerosol Science and Technology, 54 : 520–546.

Sattler B, Puxbaum H et Psenner R. 2001. Bacterial growth in supercooled cloud droplets. Geophysical Research Letters, 28 : 239–242.

Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W, Fungal Barcoding Consortium, Fungal Barcoding Consortium Author List, Bolchacova E, Voigt K, Crous PW, Miller AN, Wingfield MJ, Aime MC, An K-D, Bai F-Y, Barreto RW, Begerow D, Bergeron M-J, Blackwell M, Boekhout T, Bogale M, Boonyuen N, Burgaz AR, Buyck B, Cai L, Cai Q, Cardinali G, Chaverri P, Coppins BJ, Crespo A, Cubas P, Cummings C, Damm U, Beer ZW de, Hoog GS de, Del-Prado R, Dentinger B, Diéguez-Uribeondo J, Divakar PK, Douglas B, Dueñas M, Duong TA, Eberhardt U, Edwards JE, Elshahed MS, Fliegerova K, Furtado M, García MA, Ge Z-W, Griffith GW, Griffiths K, Groenewald JZ, Groenewald M, Grube M, Gryzenhout M, Guo L-D, Hagen F, Hambleton S, Hamelin RC, Hansen K, Harrold P, Heller G, Herrera C, Hirayama K, Hirooka Y, Ho H-M, Hoffmann K, Hofstetter V, Högnabba F, Hollingsworth PM, Hong S-B, Hosaka K, Houbraken J, Hughes K, Huhtinen S, Hyde KD, James T, Johnson EM, Johnson JE, Johnston PR, Jones EBG, Kelly LJ, Kirk PM, Knapp DG, Kõljalg U, Kovács GM, Kurtzman CP, Landvik S, Leavitt SD, Liggenstoffer AS, Liimatainen K, Lombard L, Luangsa-ard JJ, Lumbsch HT, Maganti H, Maharachchikumbura SSN, Martin MP, May TW, et al. 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. Proceedings of the National Academy of Sciences, 109 : 6241–6246.

Schuijs MJ, Willart MA, Vergote K, Gras D, Deswarte K, Ege MJ, Madeira FB, Beyaert R, Loo G van, Bracher F, Mutius E von, Chanez P, Lambrecht BN et Hammad H. 2015. Farm dust and endotoxin protect against allergy through A20 induction in lung epithelial cells. Science, 349 : 1106–1110.

Selway CA, Mills JG, Weinstein P, Skelly C, Yadav S, Lowe A, Breed MF et Weyrich LS. 2020. Transfer of environmental microbes to the skin and respiratory tract of humans after urban green space exposure. Environment International, 145 : 106084.

Shaffer BT et Lighthart B. 1997. Survey of culturable airborne bacteria at four diverse locations in Oregon: urban, rural, forest, and coastal. Microbial Ecology, 34 : 167–177.

Shamim M, Kumar P, Kumar RR, Singh KN, Kumar RR et Kumar M. 2017. Assessing fungal biodiversity using molecular markers. Dans : Singh BP et Gupta VK éds. Molecular markers in mycology. Springer, Switzerland, p. 305–333.

Shin S-K, Kim J, Ha S, Oh H-S, Chun J, Sohn J et Yi H. 2015. Metagenomic insights into the bioaerosols in the indoor and outdoor environments of childcare facilities. PLoS ONE, 10 : e0126960.

Sialve B, Gales A, Hamelin J, Wery N et Steyer J-P. 2015. Bioaerosol emissions from open microalgal processes and their potential environmental impacts: What can be learned from natural and anthropogenic aquatic environments? Current Opinion in Biotechnology, 33 : 279–286.

Sierra-Heredia C, North M, Brook J, Daly C, Ellis AK, Henderson D, Henderson SB, Lavigne É et Takaro TK. 2018. Aeroallergens in Canada: Distribution, public health impacts, and opportunities for prevention. International Journal of Environmental Research and Public Health, 15 : 1577.

Siller P, Skopeck B, Rosen K, Bartel A, Friese A et Rösler U. 2024. Impact of air humidity on the tenacity of different agents in bioaerosols. PLOS ONE, 19 : e0297193.

Smits HH, Hiemstra PS, Prazeres da Costa C, Ege M, Edwards M, Garn H, Howarth PH, Jartti T, Jong EC de, Maizels RM, Marsland BJ, McSorley HJ, Müller A, Pfefferle PI, Savelkoul H, Schwarze J, Unger WWJ, Mutius E von, Yazdanbakhsh M et Taube C. 2016. Microbes and asthma: Opportunities for intervention. Journal of Allergy and Clinical Immunology, 137 : 690–697.

Sorensen A et Hess P. 2015. Choices for scarborough: transit, walking, and intensification in toronto's inner suburbs. University of Toronto, Toronto, 42 p.

Spendlove JC et Fannin KF. 1983. Source, significance, and control of indoor microbial aerosols: Human health aspects. Public Health Reports, 98 : 229–244.

Staley JT et Konopka A. 1985. Measurement of in situ activities of nonphotosynthetic microorganisms in aquatic and terrestrial habitats. Annual Review of Microbiology, 39 : 321–346.

Statistics Canada. 2018. Chronic Conditions, 2017. Government of Canada, Ottawa, 8 p.

Stein K, Brand S, Jenckel A, Sigmund A, Chen ZJ, Kirschning CJ, Kauth M et Heine H. 2017. Endosomal recognition of *Lactococcus lactis* G121 and its RNA by dendritic cells is key to its allergy-protective effects. The Journal of Allergy and Clinical Immunology, 139 : 667–678.

Stetzenbach LD, Buttner MP et Cruz P. 2004. Detection and enumeration of airborne biocontaminants. Current Opinion in Biotechnology, 15 : 170–174.

St-Germain M-W, Létourneau V, Cruaud P, Lemaille C, Robitaille K, Denis É, Boulianne M et Duchaine C. 2024. Longitudinal survey of total airborne bacterial and archaeal concentrations and bacterial diversity in enriched colony housing and aviaries for laying hens. Poultry Science, 103 : 104119.

Taylor SC, Nadeau K, Abbasi M, Lachance C, Nguyen M et Fenrich J. 2019. The ultimate qPCR experiment: Producing publication quality, reproducible data the first time. Trends in Biotechnology, 37 : 761–774.

Tedersoo L, Anslan S, Bahram M, Põlme S, Riit T, Liiv I, Kõljalg U, Kisand V, Nilsson RH, Hildebrand F, Bork P et Abarenkov K. 2015. Shotgun metagenomes and multiple primer pair-barcode combinations of amplicons reveal biases in metabarcoding analyses of fungi. MycoKeys, 10 : 1–43.

Thijs S, Op De Beeck M, Beckers B, Truyens S, Stevens V, Van Hamme JD, Weyens N et Vangronsveld J. 2017. Comparative evaluation of four bacteria-specific primer pairs for 16S rRNA gene surveys. Frontiers in Microbiology, 8 : 494.

Thorne PS, Duchaine C et Blais Lecours P. 2016. Airborne bacteria, archaea, and endotoxin. Dans : Yates MV, *et al.* éds. Manual of Environmental Microbiology. John Wiley & Sons, Ltd, Washington, p. 3.2.6-1- 3.2.6-20.

Tignat-Perrier R, Dommergue A, Thollot A, Keuschnig C, Magand O, Vogel TM et Larose C. 2019. Global airborne microbial communities controlled by surrounding landscapes and wind conditions. Scientific Reports, 9 : 14441.

Tong Y et Lighthart B. 1997. Solar radiation is shown to select for pigmented bacteria in the ambient outdoor atmosphere. Photochemistry and Photobiology, 65 : 103–106.

Troutt C et Levetin E. 2001. Correlation of spring spore concentrations and meteorological conditions in Tulsa, Oklahoma. International Journal of Biometeorology, 45 : 64–74.

Tsai FC et Macher M. 2005. Concentrations or airborne culturable bacteria in 100 large US office building from the BASE study. Indoor Air, 15 : 71–81.

Tsiafouli MA, Thébault E, Sgardelis SP, Ruiter PC de, Putten WH van der, Birkhofer K, Hemerik L, Vries FT de, Bardgett RD, Brady MV, Bjornlund L, Jørgensen HB, Christensen S, Hertefeldt TD, Hotes S, Gera Hol W h., Frouz J, Liiri M, Mortimer SR, Setälä H, Tzanopoulos J, Uteseny K, Pižl V, Stary J, Wolters V et Hedlund K. 2015. Intensive agriculture reduces soil biodiversity across Europe. Global Change Biology, 21 : 973–985.

Uk Lee B, Lee G et Joon Heo K. 2016. Concentration of culturable bioaerosols during winter. Journal of Aerosol Science, 94 : 1–8.

United Nations. 2025. World Bank Open Data. Consulté le 28 mai 2025, https://data.worldbank.org

Valsan AE, Priyamvada H, Ravikrishna R, Després VR, Biju CV, Sahu LK, Kumar A, Verma RS, Philip L et Gunthe SS. 2015. Morphological characteristics of bioaerosols from contrasting locations in southern tropical India – A case study. Atmospheric Environment, 122 : 321–331.

Van de Peer Y, Chapelle S et De Wachter R. 1996. A quantitative map of nucleotide substitution rates in bacterial rRNA. Nucleic Acids Research, 24 : 3381–3391.

Veillette M, Knibbs LD, Pelletier A, Charlebois R, Blais Lecours P, He C, Morawska L et Duchaine C. 2013. Microbial contents of vacuum cleaner bag dust and emitted bioaerosols and their implications for human exposure indoors. Applied and Environmental Microbiology, 79 : 6331–6336.

Verreault D, Moineau S et Duchaine C. 2008. Methods for sampling of airborne viruses. Microbiology and Molecular Biology Reviews : MMBR, 72 : 413–444.

Ville de Saguenay. 2023. Populations et statistiques. Consulté le 23 août 2024, https://ville.saguenay.ca/fr

Vorholt JA. 2012. Microbial life in the phyllosphere. Nature Reviews Microbiology, 10 : 828–840.

Wall DH, Nielsen UN et Six J. 2015. Soil biodiversity and human health. Nature, 528 : 69–76.

Walls PLL, Bird JC et Bourouiba L. 2014. Moving with bubbles : A review of the interactions between bubbles and the microrganisms that surround them. Integrative and Comparative Biology, 54 : 1014–1025.

Wang S, Qian H, Sun Z, Cao G, Ding P et Zheng X. 2023. Comparison of airborne bacteria and fungi in different built environments in selected cities in five climate zones of China. Science of the Total Environment, 860 : 160445.

Warren SD, St. Clair LL et Leavitt SD. 2019. Aerobiology and passive restoration of biological soil crusts. Aerobiologia, 35 : 45–56.

Wasimuddin, Schlaeppi K, Ronchi F, Leib SL, Erb M et Ramette A. 2020. Evaluation of primer pairs for microbiome profiling from soils to humans within the One Health framework. Molecular Ecology Resources, 20 : 1558–1571.

Waters SM, Verma S, Cai N et Varelas J. 2024. Long-read sequencing of metagenomes from wet deposition samples in the Western USA during an elevated precipitation in February 2019. Aerobiologia, 40 : 161–173.

Wei M, Liu H, Chen J, Xu C, Li J, Xu P et Sun Z. 2020. Effects of aerosol pollution on PM2.5-associated bacteria in typical inland and coastal cities of northern China during the winter heating season. Environmental Pollution, 262 : 114188.

White JK, Nielsen JL et Madsen AM. 2019. Microbial species and biodiversity in settling dust within and between pig farms. Environmental Research, 171 : 558–567.

White TJ, Bruns TD, Lee SB et Taylor JW. 1989. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. Dans : Innis MA, *et al.* éds. PCR Protocols. Medellìn, p. 315–322.

Wickham H. 2016. ggplot2. Springer International Publishing, Cham.

Willey JM, Sherwood LM et Woolverton CJ. 2014. Prescott's Microbiology. McGraw-Hill, New York, 1014 p.

Willey JM, Sherwood LM et Woolverton CJ. 2017. Prescott's Microbiology. McGraw-Hill, New York, 979 p.

Wingman. 2023. The 5 biggest industries in Scarborough. Consulté le 30 mars 2026, https://manawa.ca/blog-scarborough-industries/

Woese CR, Fox GE, Zablen L, Uchida T, Bonen L, Pechman K, Lewis BJ et Stahl D. 1975. Conservation of primary structure in 16S ribosomal RNA. Nature, 254 : 83–86.

Woodcock A et Custovic A. 1998. Avoiding exposure to indoor allergens. BMJ : British Medical Journal, 316 : 1075.

World Meteorological Organization. 2026. State of glocal climate 2025. WMO, Geneva, 45 p.

Xie W, Li Y, Bai W, Hou J, Ma T, Zeng X, Zhang L et An T. 2021a. The source and transport of bioaerosols in the air: A review. Frontiers of Environmental Science & Engineering, 15 : 44.

Xie Z, Du S, Ma T, Hou J, Zeng X et Li Y. 2021b. High time-resolved characterization of airborne microbial community during a typical haze pollution process. Journal of Hazardous Materials, 415 : 125722.

Xu Z, Wu Y, Shen F, Chen Q, Tan M et Yao M. 2011. Bioaerosol science, technology, and engineering: Past, present, and future. Aerosol Science and Technology, 45 : 1337–1349.

Yang W, Elankumaran S et Marr LC. 2011. Concentrations and size distributions of airborne influenza A viruses measured indoors at a health centre, a day-care centre and on aeroplanes. Journal of The Royal Society, 8 : 1176–1184.

Yang Y, Zhang R et Lou Z. 2022. Bioaerosol emissions variations in large-scale landfill region and their health risk impacts. Frontiers of Environmental Science & Engineering, 16 : 158.

Zhang Y, Wang Y, Han Y, Zhu S et Yan X. 2024. Impact of haze on potential pathogens in surface bioaerosol in urban environments. Environmental Pollution, 355 : 124164.

Zhao Y, Li H, Feng X, Xu J, Chen Z et Luo X-S. 2025. The spatio-temporal distribution characteristics and influencing factors of airborne microbial components in ambient PM2.5 within a city scale. Environmental Research, 278 : 121677.

Zhong X, Qi J, Li H, Dong L et Gao D. 2016. Seasonal distribution of microbial activity in bioaerosols in the outdoor environment of the Qingdao coastal region. Atmospheric Environment, 140 : 506–513.

Zhou S-Y-D, Li H, Giles M, Neilson R, Yang X et Su J. 2021. Microbial flow within an air-phyllosphere-soil continuum. Frontiers in Microbiology, 11 : 615481.

Ziaei S, Sarkhosh M, Saeidi M et Sarkhoshkalat M. 2025. Public health implications of bacterial and fungal bioaerosol concentrations in outdoor air. Scientific Reports, 15 : 22706.

ANNEXE 1: Supplementary materials (Chapitre 2)

Supplementary tables

Table S1. Sample size per site and environment accross urban areas

Sites	Indoor	Outdoor
Chicoutimi		
AN	5	3
UQ	8	10
BAG	3	
BAR	5	3
PRM		5
PRM2		4
SOL		6
Scarborough		
DC		6
HDC		6
TOJF		8
TOSC		6

Table S2. Forward and reverse primers used for 16S rRNA gene and ITS2 amplicon sequencing

Primers	Sequences
341F	5'– CCTACGGGNGGCWGCAG –3'
805R	5'– GACTACHVGGGTATCTAATCC–3'
ITS3tagmix1	5' – TAGACTCGTCATCGATGAAGA ACGCAG – 3'
ITS3tagmix2	5' – TAGACTCGTCAACGATGAAGAACGCAG – 3'
ITS3tagmix3	5' – TAGACTCGTCACCGATGAAGAACGCAG – 3'
ITS3tagmix4	5' – TAGACTCGTCATCGATGAAGAACGTAG – 3'
ITS3tagmix5	5' – TAGACTCGTCATCGATGAAGAACGTGG – 3'
ITS4ngs	5' – TTCCTSCGCTTATTGATATGC – 3'

Table S3. Reads tracking for DADA2 bioinformatics pipeline for 16S gene sequences.
Samples in grey are not present in the final phyloseq objet

Sample id	Input	Filtered	DenoisedF	DenoisedR	Merged	Non-chimeric
I1-AQ30	118,273	118,045	95,532	95,547	95,258	93,949
I2-AQ30	28	28	0	0	0	0
I3-AQ60	3	3	0	0	0	0
I4-AQ60	6	6	0	0	0	0
I5-AQ120	14	14	0	0	0	0
I6-AQ120	1	1	0	0	0	0
I7-CL60	2	2	0	0	0	0
I8-CL60	113,990	113,758	95,730	95,842	90,115	78,431
I9-RES240	99,487	99,288	84,546	84,822	79,018	60,479
I10-CAF60	117,234	117,001	101,262	101,289	100,911	95,839
I11-CAF120	507	507	0	0	0	0
I12-CAF180	1	1	0	0	0	0
I13-CAF60	11,430	11,409	9,830	9,829	9,823	9,818
I15-BAR60	126,182	125,931	107,317	107,314	106,143	98,916
I16-BAR180	124,901	124,651	104,612	104,633	103,864	98,379
I17-BAR120	113,526	113,310	94,839	94,972	93,348	82,758
I18-AN120	113,768	113,565	97,421	97,415	97,107	93,208
I19-AN60	105,242	105,022	89,867	89,873	89,262	80,166
I20-AN90	103,526	103,310	88,809	88,859	87,500	73,686
I21-BAR150	101,714	101,522	85,084	85,915	73,692	45,518
I22-AN180	106,481	106,250	91,703	91,678	89,071	71,617
I23-AN150	105,836	105,615	91,446	91,428	89,270	71,840
I24-BAG180	120,987	120,724	102,849	102,803	96,081	80,252
I25-BAR90	112,429	112,166	97,853	97,703	93,388	67,663
I26-BAG120	118,648	118,414	103,390	103,280	100,131	79,308
I27-BAG150	105,374	105,148	88,715	88,590	84,572	61,683
I31-CAF60	119,141	118,883	98,361	98,433	95,618	91,694
I32-CAF60	3,771	3,763	3,242	3,243	3,240	3,239
I33-CAF60	45	45	0	0	0	0
O1-UQ60	112,532	112,301	92,779	92,815	92,031	88,615
O2-TOSC60	111,337	111,118	91,799	92,237	87,096	77,631
O3-TOSC60	108,846	108,606	89,832	89,909	88,578	83,834

Sample id	Input	Filtered	DenoisedF	DenoisedR	Merged	Non-chimeric
O4-TOSC60	118,631	118,378	101,471	101,437	101,007	95,771
O5-AN60	104,004	103,829	80,057	80,083	79,630	75,369
O6-AN60	116,082	115,841	95,718	95,735	95,404	91,596
O7-AN60	129,490	129,256	109,180	109,177	108,316	96,042
O8-BAR60	124,368	124,115	102,759	102,773	100,599	86,918
O9-BAR60	6793	6778	5730	5728	5709	5704
O10-BAR60	106,947	106,712	90,880	90,917	90,588	88,718
O11-UQ60	85,109	84,924	67,341	68,401	60,881	49,547
O12-UQ-60	99,812	99,605	83,775	84,254	77,290	63,311
O13-UQ60	44,334	44,239	21,194	21,332	18,364	15,629
O14-TOJF60	1,315	1,312	0	0	0	0
O15-TOJF60	125,769	125,511	107,736	107,743	106,374	89,655
O16-TOJF60	98,079	97,891	81,225	81,930	74,406	63,103
O17-PRM60	107,478	107,252	91,598	91,708	87,683	73,391
O18-PRM60	104,882	104,665	87,978	88,680	81,609	66,480
O21-UQ60	121,110	120,855	103,967	103,999	102,828	91,583
O22-UQ60	129,998	129,752	112,117	112,247	108,496	100,865
O23-UQ60	133,102	132,852	115,926	115,996	115,761	114,193
O24-SOL60	129,643	129,390	112,545	112,701	110,730	92,059
O25-SOL60	1	1	0	0	0	0
O26-SOL60	107,323	107,102	90,594	90,715	88,491	77,597
E0	76,226	76,065	63,463	63,487	63,368	63,314
S5	113,917	113,694	96,980	97,060	95,447	85,843
S6	112,321	112,081	95,052	95,162	93,577	81,811
S7	104,121	103,905	87,597	87,626	81,672	66,327
BL	105,792	105,578	88,750	88,754	84,659	67,202
O27-HDC60	276,489	276,240	233,706	235,383	218,380	179,646
O28-TOJF60	266,875	266,618	226,990	227,746	218,043	184,492
O29-TOJF60	319,828	319,536	274,706	275,887	255,516	198,072
O30-HDC60	249,566	249,327	212,291	214,286	194,053	147,625
O31-DC60	248,112	247,878	213,753	214,293	205,044	173,333
O32DC60	248,506	248,283	213,135	213,787	198,609	160,792
O33-TOJF60	230,977	230,768	193,608	195,993	174,976	127,657
O34-TOJF60	243,867	243,634	205,852	207,510	187,212	144,959
O35-HDC60	310,522	310,247	266,997	269,471	245,208	195,451
O36-DC60	315,669	315,373	277,714	278,074	268,744	230,303
O37-DC60	391,697	391,302	347,695	347,759	346,629	340,887

Sample id	Input	Filtered	DenoisedF	DenoisedR	Merged	Non-chimeric
O38-TOJF60	292,399	292,135	254,529	256,054	234,449	179,389
O39-TOJF60	322,630	322,322	283,372	283,798	269,222	207,361
O40-DC60	288,683	288,430	252,585	253,527	238,403	191,066
O41-DC60	191,668	191,508	169,823	169,866	169,581	168,635
O42-HDC60	279,479	279,249	233,143	236,996	199,408	147,863
O43-HDC60	366,826	366,483	305,774	306,074	300,136	260,654
O44-HDC-60	323,386	323,033	265,419	266,744	255,438	217,098
O45-TOSC60	238,775	238,537	157,070	171,867	97,500	68,509
O46-TOSC60	46,571	46,443	36,518	36,539	36,493	36,475
O47-TOSC60	322,967	322,644	262,109	263,200	207,931	148,550
O48-TOSC60	341,354	341,051	281,806	282,321	272,418	217,656
O49-UQ60	358,076	357,730	297,127	298,572	281,183	225,182
O50-UQ60	300,525	300,232	247,448	248,943	233,830	191,751
O51-PRM260	267,064	266,772	228,592	230,268	207,559	162,241
O52-UQ60	272,416	272,099	233,717	234,530	220,042	177,144
O53-UQ60	392,651	392,267	347,790	347,871	345,879	344,201
O54-PRM260	297,322	297,033	259,640	260,245	236,651	173,809
O55-PRM260	319,903	319,581	281,188	281,747	274,967	251,086
O56-PRM260	382,404	382,037	338,295	338,450	335,527	323,217
O57-PRM60	305,677	305,338	267,005	267,017	266,598	262,981
O58-SOL60	200,353	200,049	174,903	175,004	172,101	148,206
O59-SOL60	318,403	318,104	267,161	269,068	247,241	206,194
O60-PRM60	325,840	325,535	276,010	277,239	255,972	215,871
O61-PRM60	302,794	302,506	243,556	249,306	202,252	158,597
O62-SOL60	260,992	260,784	215,968	218,165	191,056	145,134
O63-SOL60	210,391	210,193	163,933	169,382	131,400	103,802
FB1	426,815	426,434	371,398	371,544	369,243	349,943
FB2	378,079	377,695	325,397	325,457	319,849	309,033
FB4	286,855	286,600	247,271	247,326	246,464	245,114

Table S4. Reads tracking for DADA2 bioinformatics pipeline for ITS gene sequences.
Samples in grey are not present in the final phyloseq objet

Sample id	Input	Filtered	DenoisedF	DenoisedR	Merged	Non-chimeric
I8-CL60	188	185	15	15	14	14
I9-RES240	695	689	335	335	335	335
I10-CAF60	1,611	1,586	207	209	207	207

Sample id	Input	Filtered	DenoisedF	DenoisedR	Merged	Non-chimeric
I15-BAR60	361	349	1	1	1	1
I16-BAR180	939	911	2	5	0	0
I17-BAR120	775	751	6	7	4	4
I18-AN120	2,192	2,154	802	804	801	801
FB4	68	66	1	1	0	0
I22-AN180	744	740	268	271	268	268
I23-AN150	16,639	16,614	13,892	13,892	13,890	13,874
I24-BAG180	5,671	5,656	4,361	4,363	4,361	4,361
I25-BAR90	3,329	3,318	2,575	2,575	2,575	2,575
I26-BAG120	170,064	169,866	142,823	142,771	142,637	132,336
I27-BAG150	182,153	181,935	154,014	153,656	153,418	135,957
I31-CAF60	1,812	1,806	1,129	1,128	1,128	1,128
O1-UQ60	1,148	1,122	164	168	160	159
O2-TOSC60	8,753	8,728	7,289	7,293	7,289	7,287
O3-TOSC60	76,927	76,773	66,796	66,790	66,783	66,757
O4-TOSC60	303	294	2	2	1	1
O5-AN60	13,095	13,046	10,760	10,762	10,759	10,756
O7-AN60	88,302	88,174	77,916	77,919	77,911	77,873
O8-BAR60	179,597	179,369	159,734	159,185	158,880	154,588
O10-BAR60	1,845	1,833	1,319	1,319	1,319	1,319
O11-UQ60	175,294	175,059	146,414	145,502	144,544	131,046
O12-UQ60	184,822	184,582	156,157	155,262	154,421	135,035
O15-TOJF60	612	604	101	104	101	101
O16-TOJF60	140,051	139,829	118,742	118,641	118,632	117,636
O17-PRM60	153,780	153,557	127,744	127,693	127,489	123,224
O18-PRM60	149,942	149,719	129,704	129,658	129,621	128,581
O21-UQ60	95,636	95,462	81,700	81,695	81,687	80,311
O22-UQ60	94,917	94,730	77,812	77,782	77,740	76,958
O23-UQ60	98,577	98,430	81,740	81,654	81,617	80,350
O24-SOL60	153,615	153,378	126,760	126,067	125,613	110,361
O26-SOL60	103,299	103,163	87,163	86979	86,911	83,399
E0	4,319	4,306	3,077	3,076	3,076	3,076
BL	63,453	63,336	52,810	52,810	52,809	52,743
O27-HDC60	141,823	141,610	115,650	114,898	114,342	105,018
O28-TOJF60	167,481	167,223	140,845	140,620	140,366	137,094
O29-TOJF60	200,199	199,940	172,282	172,081	171,820	165,555
O30-HDC60	122,919	122,732	103,781	103,611	103,487	100,491

Sample id	Input	Filtered	DenoisedF	DenoisedR	Merged	Non-chimeric
O31-DC60	144,876	144,681	121,327	121,282	121,189	119,222
O32DC60	152,951	152,710	127,190	126,847	126,696	123,339
O33-TOJF60	153,949	153,711	123,318	123,118	122,741	118,161
O34-TOJF60	165,675	165,460	140,690	140,270	139,903	132,711
O35-HDC60	142,777	142,547	120,746	120,549	120,378	117,397
O36-DC60	128,194	127,987	109,250	109,230	109,209	108,761
O37-DC60	151,938	151,708	130,057	130,030	129,970	128,173
O38-TOJF60	161,993	161,744	139,773	139,790	139,675	137,184
O39-TOJF60	150,956	150,700	127,771	127,797	127,718	126,048
O40-DC60	145,998	145,771	125,748	125,802	125,625	123,185
O41-DC60	84,504	84,353	71,445	71,448	71,437	70,878
O42-HDC60	173,144	172,905	149,010	148,748	148,434	141,181
O43-HDC60	171,165	170,860	145,508	145,420	145,307	142,952
O44-HDC-60	155,639	155,360	132,045	131,996	131,933	129,911
O45-TOSC60	164,623	164,352	140,821	140,782	140,138	124,807
O46-TOSC60	28,086	28,023	23,546	23,554	23,546	23,536
O47-TOSC60	135,478	135,297	115,685	115,674	115,582	113,558
O48-TOSC60	120,154	119,976	104,361	104,358	104,346	103,288
O49-UQ60	164,664	164,443	139,177	138,604	138,012	123,848
O50-UQ60	159,020	158,826	136,321	135,810	135,199	125,179
O51-PRM260	144,046	143,841	124,668	124,671	124,592	123,730
O52-UQ60	21,872	21,814	17,522	17,530	17,518	17,518
O53-UQ60	110,457	110,223	93,084	93,058	93,044	89,355
O54-PRM260	172,236	171,946	146,723	146,605	146,496	140,502
O55-PRM260	77,616	77,438	63,286	63,166	63,086	62,509
O56-PRM260	41,980	41,914	35,182	35,182	35,174	34,620
O57-PRM60	163,596	163,330	138,062	138,052	138,006	135,484
O58-SOL60	127,670	127,471	110,117	110,157	110,093	103,448
O59-SOL60	96,713	96,521	80,676	80,673	80,662	79,036
O60-PRM60	183,238	182,941	153,741	153,688	153,442	151,152
O61-PRM60	111,588	111,390	93,080	93,089	93,043	92,250
O62-SOL60	101,813	101,636	87,227	87,313	87,217	82,919
O63-SOL60	73,812	73,675	61,435	61,237	61,227	59,327
FB1	132,668	132,430	114,653	114,667	114,618	106,454
FB2	98,890	98,721	84,607	84,629	84,602	81,195

Table S5. Means and standard derivations of temperature (ºC), relative humidity and wind speed (km/h) according to cities, years and sequencing run

	Temperature (mean ± SD)	**Relative humidity (mean ± SD)**	**Wind speed (mean ± SD)**
Chicoutimi	20.7 ± 3.5	58.4 ± 21.6	12 ± 7.7
Scarborough	17.9 ± 2.3	55.4 ± 11.1	18.5 ± 6.2
2023	21.2 ± 3.4	58.3 ± 20.3	9.4 ± 6.1
2024	21.3 ± 4.7	70.1 ± 15.0	8.8 ± 3.3
2025	18.4 ± 2.4	53.3 ± 15.8	18.4 ± 7.0
Sequencing run 1	21.2 ± 3.9	63.4 ± 18.8	9.1 ± 5.0
Sequencing run 2	18.4 ± 2.4	53.5 ± 15.8	18.4 ± 7.0

Table S6. Composition of the core microbiome across urban areas and environment for bacteria and fungi

Urban areas	**Environment**	**Target gene**	**Phylum**	**Class**	**Order**	**Family**	**Genus**	**Prevalence (%)**	**Relative abundance (mean ± SD) (%)**
Chicoutimi	Indoor	16S	*Bacillota*	*Bacilli*	*Lactobacillales*	*Streptococcaceae*	*Streptococcus*	100.0	21.7 ± 16.8
Chicoutimi	Indoor	16S	*Pseudomonadota*	*Gammaproteobacteria*	*Burkholderiales*	*Comamonadaceae*	*Roseateles*	81.0	6.7 ± 10.7
Chicoutimi	Indoor	16S	*Pseudomonadota*	*Alphaproteobacteria*	*Hyphomicrobiales*	*Beijerinckiaceae*	*Methylobacterium*	85.7	6.2 ± 7
Chicoutimi	Indoor	16S	*Bacillota*	*Bacilli*	*Lactobacillales*	*Streptococcaceae*	*Streptococcus*	85.7	2.8 ± 4.1
Chicoutimi	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Cladosporiales*	*Cladosporiaceae*	*Cladosporium*	92.3	4.2 ± 4.8
Chicoutimi	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Cladosporiales*	*Cladosporiaceae*	*Cladosporium*	92.3	2.2 ± 2.7
Chicoutimi	Outdoor	ITS	*Basidiomycota*	*Agaricomycetes*	*Hymenochaetales*	*Rickenellaceae*	*Resinicium*	88.5	7 ± 11.9
Chicoutimi	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Saccharomycetes*	*Saccharomycetales*	*Saccharomycetales_fam_Incertae_sedis*	*Candida*	84.6	3.9 ± 5
Chicoutimi	Outdoor	ITS	*Basidiomycota*	*Agaricomycetes*	*Hymenochaetales*	*Hymenochaetales_fam_Incertae_sedis*	*Skvortzovia*	76.9	1.6 ± 2
Scarborough	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Cladosporiales*	*Cladosporiaceae*	*Cladosporium*	100.0	19 ± 14.5
Scarborough	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Cladosporiales*	*Cladosporiaceae*	*Cladosporium*	100.0	9.9 ± 6.6
Scarborough	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Dothideales*	*Saccotheciaceae*	*Aureobasidium*	91.7	0.9 ± 1
Scarborough	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Pleosporales*	*Pleosporaceae*	*Alternaria*	83.3	1.4 ± 1.8
Scarborough	Outdoor	ITS	*Ascomycota*	*Dothideomycetes*	*Pleosporales*	*Didymellaceae*	*Didymella*	83.3	2.1 ± 2.6
Scarborough	Outdoor	ITS	*Basidiomycota*	*Agaricomycetes*	*Polyporales*	*Polyporaceae*	*Trametes*	87.5	1.2 ± 3.3
Scarborough	Outdoor	ITS	*Basidiomycota*	*Agaricomycetes*	*Polyporales*	*Phanerochaetaceae*	*Phanerochaete*	87.5	0.4 ± 0.4
Scarborough	Outdoor	ITS	*Basidiomycota*	*Agaricomycetes*	*Polyporales*	*Polyporaceae*	*Cerioporus*	91.7	0.6 ± 0.6

Table S7. Relative abundance of phyla according to sampling environment or urban areas, phylum with a relative abundance less than 1% are grouped into the 'Other' category

Environment or Urban areas	Domain	Phylum	Relative abundance (mean ± SD) (%)
Indoor	*Bacteria*	*Pseudomonadota*	47.3 ± 27.2
Indoor	*Bacteria*	*Bacillota*	33.8 ± 23.3
Indoor	*Bacteria*	*Actinomycetota*	9.5 ± 7.8
Indoor	*Bacteria*	*Cyanobacteriota*	4.1 ± 7.7
Indoor	*Bacteria*	*Bacteroidota*	2.8 ± 2.6
Indoor	*Bacteria*	Other	2.5 ± 3.9
Outdoor	*Bacteria*	*Pseudomonadota*	35.5 ± 17.7
Outdoor	*Bacteria*	*Bacillota*	24.4 ± 26.2
Outdoor	*Bacteria*	*Actinomycetota*	21.8 ± 11.5
Outdoor	*Bacteria*	*Bacteroidota*	8.5 ± 5.4
Outdoor	*Bacteria*	Other	7.1 ± 5.8
Outdoor	*Bacteria*	*Chloroflexota*	1.9 ± 2.3
Outdoor	*Bacteria*	*Cyanobacteriota*	0.8 ± 1.8
Chicoutimi	*Bacteria*	*Pseudomonadota*	32.0 ± 23.5
Chicoutimi	*Bacteria*	*Bacillota*	31.5 ± 28.3
Chicoutimi	*Bacteria*	*Actinomycetota*	19.2 ± 11.4
Chicoutimi	*Bacteria*	*Bacteroidota*	7.9 ± 5.6
Chicoutimi	*Bacteria*	Other	7.0 ± 6.7
Chicoutimi	*Bacteria*	*Chloroflexota*	1.5 ± 2.0
Chicoutimi	*Bacteria*	*Cyanobacteriota*	1 ± 2.3
Scarborough	*Bacteria*	*Pseudomonadota*	39.5 ± 14.9
Scarborough	*Bacteria*	*Actinomycetota*	24.7 ± 11.1
Scarborough	*Bacteria*	*Bacillota*	16.4 ± 21.3
Scarborough	*Bacteria*	*Bacteroidota*	9.2 ± 5
Scarborough	*Bacteria*	Other	7.2 ± 4.6
Scarborough	*Bacteria*	*Chloroflexota*	2.4 ± 2.7
Scarborough	*Bacteria*	*Cyanobacteriota*	0.6 ± 1.2
Chicoutimi	*Fungi*	*Basidiomycota*	73.2 ± 21.2
Chicoutimi	*Fungi*	*Ascomycota*	25.6 ± 20.3
Chicoutimi	*Fungi*	*Unclassified*	1.1 ± 3.2
Chicoutimi	*Fungi*	*Other*	0.07 ± 0.3
Scarborough	*Fungi*	*Ascomycota*	51.2 ± 22.5
Scarborough	*Fungi*	*Basidiomycota*	47.2 ± 23.02
Scarborough	*Fungi*	*Unclassified*	0.9 ± 0.8
Scarborough	*Fungi*	Other	0.8 ± 2.2

Supplementary figures

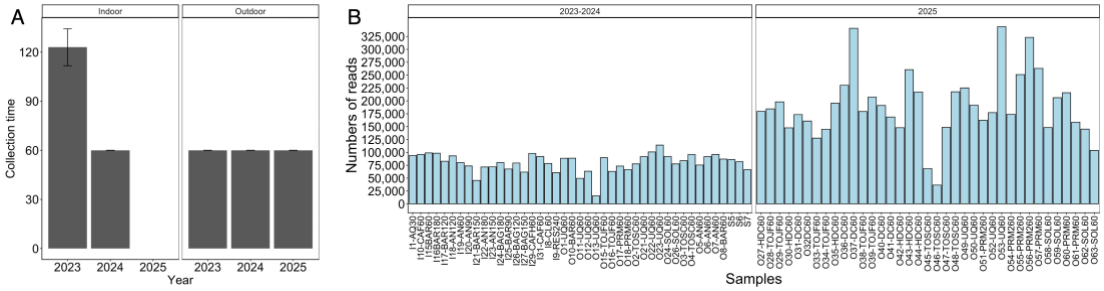


Figure S1: (A) Mean air sampling time (minutes) per year for indoor and outdoor environments for both cities. (B) Distribution of bacterial sequencing reads per sample according to sequencing run.

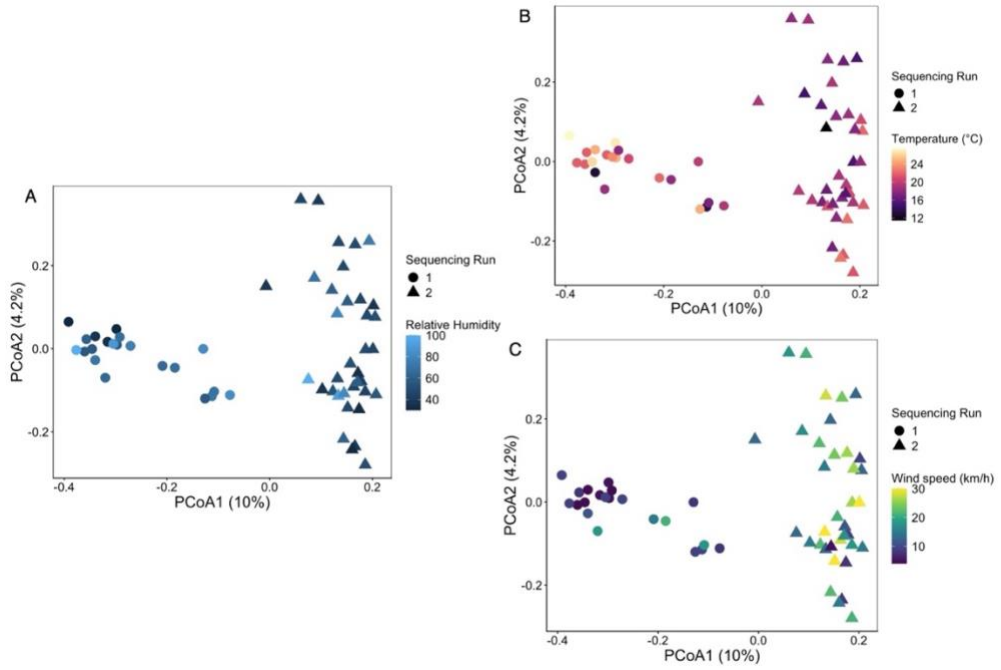


Figure S2: Bacterial PCoA plots based on Bray-curtis dissimilarity matrices with a VST transformation, colored by (A) relative humidity, (B) temperature (ºC) and (C) wind speed (km/h) after subsampling at 80,000 reads. Difference between community composition between each run was assessed using PERMANOVA ($p < 0.001$).

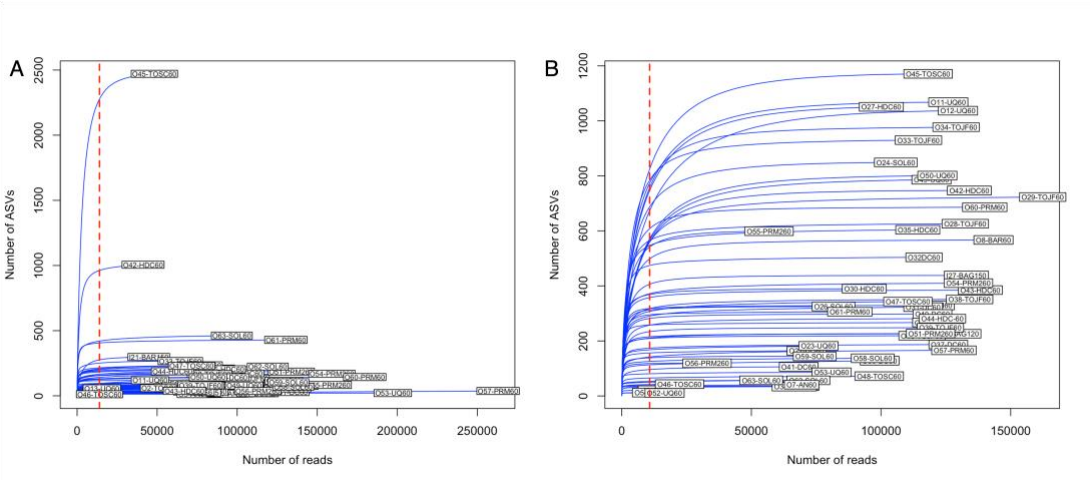


Figure S3: Rarefaction curves showing the number of observed ASVs/OTUs and sequencing depth (number of reads) for (A) bacterial and (B) fungal samples. The red line indicates the rarefaction depth selected.

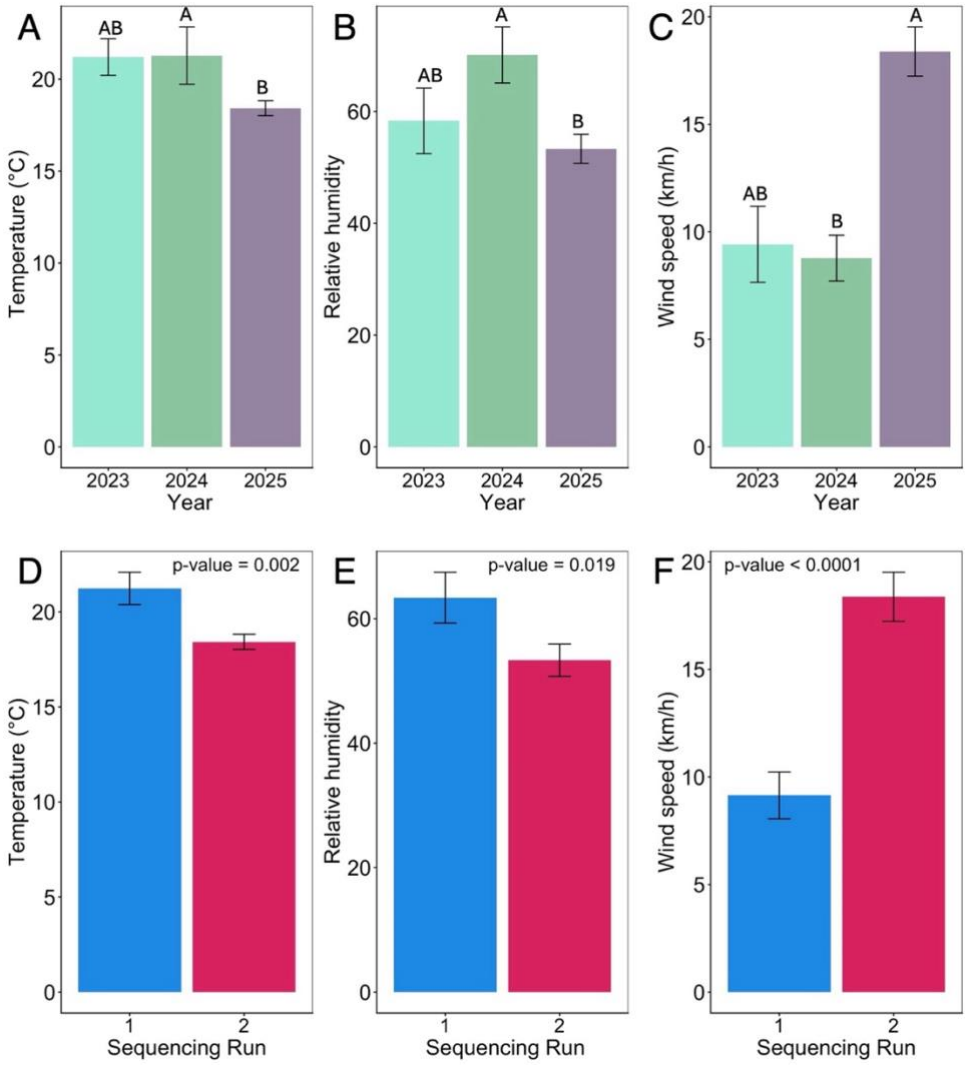


Figure S4: Temperature (ºC), relative humidity and wind speed (km/h) according to year and sequencing run. (A) Environmental data according to year were compared using Kruskal-Wallis rank sum test and Dunn test with Bonferroni p-adjusted method. A Wilcoxon test was used between sequencing runs. Error bars represent standard errors. Letters A and B represent significant differences if letters are not the same.

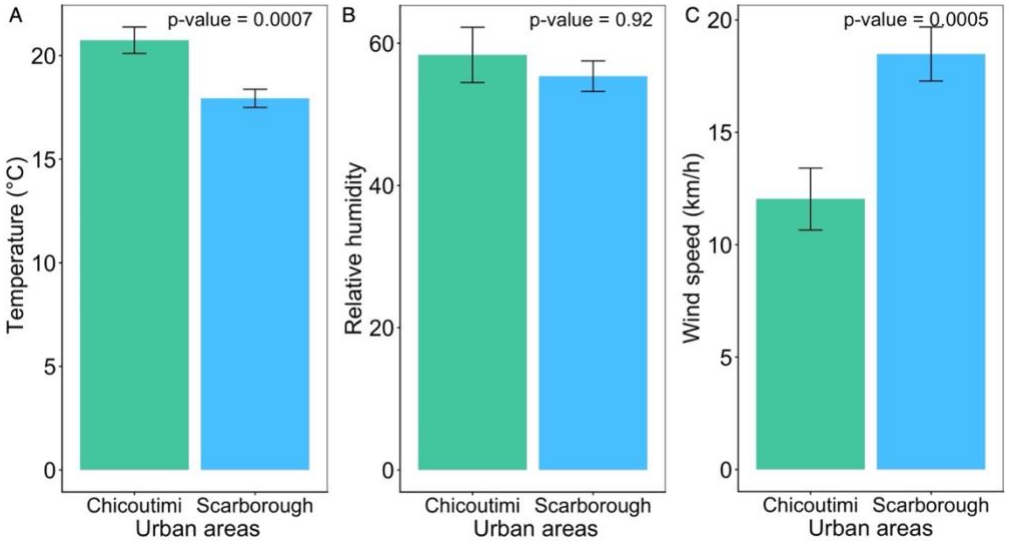


Figure S5: Environmental data during days of sampling according to cities. A t-test was performed for temperature and Wilcoxon for relative humidity and wind speed differences.

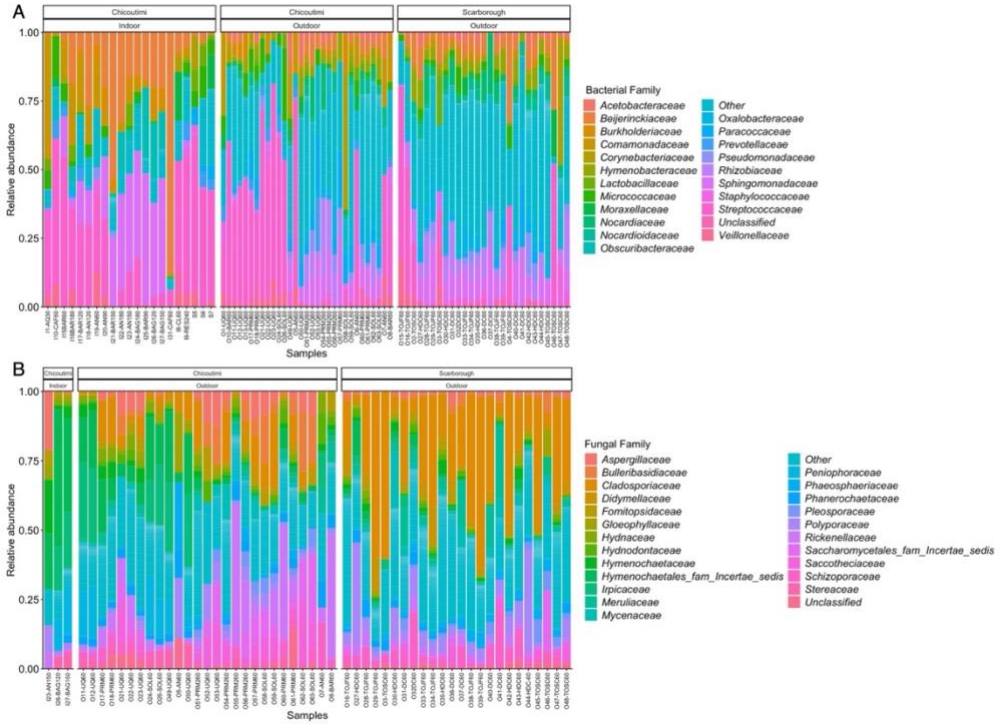


Figure S6: Community composition at family level for (A) bacteria and (B) fungi. Data were transformed as relative abundance. Facets are organized by environment and city. Family with a relative abundance less than 1% are grouped into the 'Other' category.

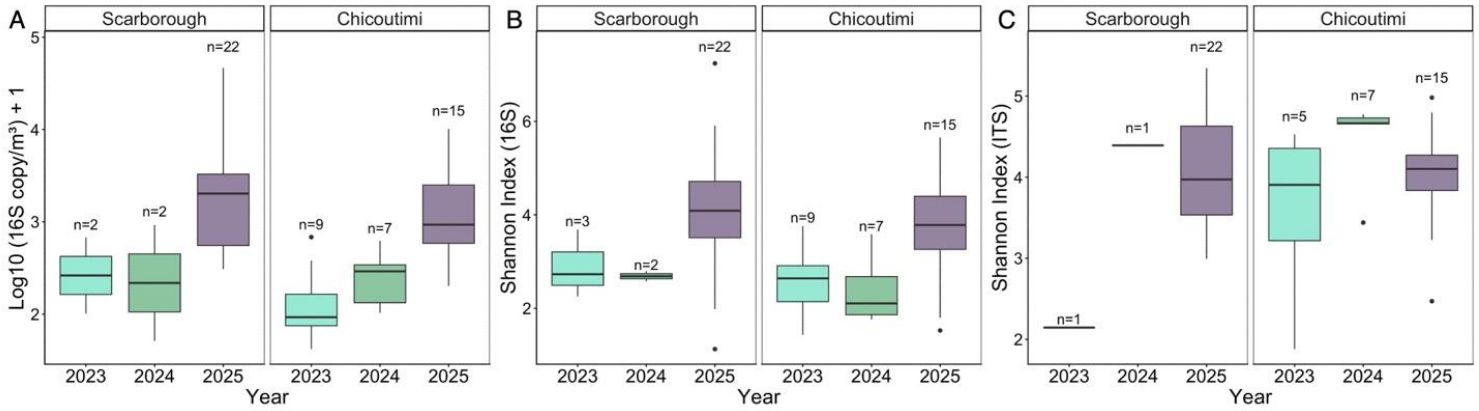


Figure S7: Bacterial total abundance and diversity metrics for each year according to cities. (A)Bacterial total abundance quantified by 16S rRNA gene on a $\log_{10}$ +1 scale. (B) Shannon 16S and (C) Shannon ITS for each city and according to year.

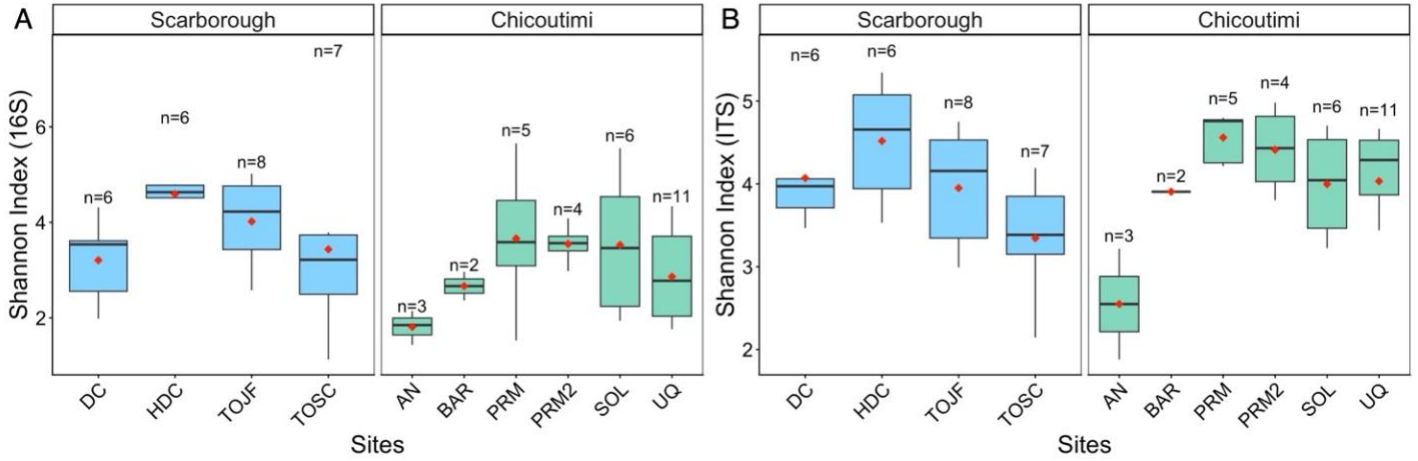


Figure S8: Alpha diversity shown as Shannon index for bacteria (16S) and fungi (ITS). Facets are organized by cities, and each boxplot represented a site. Red diamonds represent the mean.