

Investigation of Mycoflora in the Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) in Georgia

Mariam Gurjidze

Master's thesis submitted to the Faculty of Natural Science and Medicine of the Illia State University according to the requirements for the Degree of Master of Science Applied Genetics

Program: Applied Genetics

Supervisor: Marine Murtskhvaladze, PhD

Illia State University



Tbilisi, 2024

1.1 Declaration

I declare that this thesis is my own work, conducted in 2024 at the faculty of Science and Medicine of Illia State University in Tbilisi, Georgia. The research was carried out under the supervision of Professor Marine Murtskhvaladze. This thesis has not been submitted for any other degree or professional qualification.

Mariam Gurjidze



22.06.2024

1.2 Acknowledgement

I want to express my great appreciation to my supervisor Prof. Marine Murtskhvaladze, who gave me the chance to be part of this project and supported me through the whole time of the research.

I would like to thank non-governmental organisation SABUKO for the cooperation.

Lastly, I want to express my gratitude for the Illia state University for the support throughout these years.

1.3 Abstract

The Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) is a large raptor which is inhabitant of the forest-steppe regions of Eurasia. It is currently listed as vulnerable by the IUCN due to significant population declines, that is primarily caused by anthropogenic factors as well as by fungal infectious diseases. Therefore, conservation is crucial for this species. This research investigates the mycological community associated with the Eastern Imperial Eagle in Georgia, with a focus on understanding the variety of fungal species present in samples. A total of fourteen samples from seven eagles at six different nesting sites were examined using Illumina NGS sequencing of the ITS1 and ITS2 regions of fungi. The sequencing data was analyzed using R programming language with Phyloseq package. Overall, 418 operational taxonomic units (OTUs) were analyzed. Total of 18 classes were identified, notably *Dothideomycetes* (59.1%), *Sordariomycetes* (8.94%), and *Agariomycetes* (8.14%). The findings showed wide range of fungal families, 149 in total, significantly *Didymellaceae* (13%), *Pleosporaceae* (8.52%), *Phaeosphaeriaceae* (7.72%). In total, 418 operational taxonomic units (OTUs) were identified, including 113 fungal species that are known to be potential pathogens for humans, plants, or animals. These 418 different species were representatives of 149 families and 18 fungal classes. 6 fungal species of the genus *Aspergillus* was identified in 6 different samples of 4 individuals. This research represents the first study investigating the mycological distributions associated with Eastern Imperial Eagle. The results emphasize the significant variety of fungi found in the Eastern Imperial Eagle. The findings hold significance and the knowledge gained from this research can serve as a foundation for the further analysis of fungi distribution in Eastern Imperial Eagle and improvement of the conservation plan for the species.

Key words: Eastern Imperial Eagle (*Aquila heliaca*), IUCN, OTU, ITS, NGS.

1.3 აბსტრაქტი

ბექობის არწივი (*Aquila heliaca*) მიეკუთვნება მტაცებლების რიგს, რომელიც ბინადრობს ევრაზიის ტყე-სტეპურ რეგიონებში. ამჟამად, სახეობას მინიჭებული აქვს მოწყვლადის (VU) სტატუსი IUCN-ს მიერ. სახეობის რაოდენობა მნიშვნელოვნად მცირდება როგორც გლობალურად, ასევე საქართველოში. მათი რიცხოვნობის შემცირებას არაერთი ფაქტორი განაპირობებს, მათ შორისაა ანთროპოგენული ფაქტორები, ასევე სოკოებით გამოწვეული ინფექციური დაავადებები. კონსერვაციული ღონისძიებები გადაწყვეტია ბექობის არწივის არსებობის შენარჩუნებისთვის. აღნიშნული კვლევა ეხება მიკოლოგიური მრავალფეროვნების შესწავლას ბექობის არწივში და წარმოადგენს სიახლეს. ანალიზი ჩატარდა 14 ნიმუშზე, რომლებიც 6 განსხვავებულ ბუდეში მყოფი 7 არწივიდან იქნა აღებული. თითო ინდივიდიდან ერთი კლოაკალური და ერთი ტრაქეალური ნიმუში. მათი სექვენირება მოხდა Illumina NGS სისტემის მეშვეობით, და გამოყენებული იყო სოკოს გენომის ITS1 და ITS2 რეგიონები. სექვენირების შედეგად მიღებული მონაცემთა ანალიზი მოხდა R პროგრამირებით, Phyloseq პაკეტის გამოყენებით. მთლიანობაში, გაანალიზდა 418 ოპერაციული ტაქსონომიური ერთეული (OTU). კვლევამ გამოავლინა 18 განსხვავებული სოკოების კლასი, მნიშვნელოვნად კი შემდეგი სამი კლასი: დოთიდეომიცეტები (59.1%), სორდარიომიცეტები (8.94%) და აგარიომიცეტები (8.14%). საერთო ჯამში იდენტიფიცირებული ოპერაციული ტაქსონომიური ერთეულების (OTUs) რაოდენობა იყო 418, მათ შორის 113 ცნობილი პათოგენური სახეობა. სოკოს 418 სახეობება მიეკუთვნებოდა განსხვავებული 149 ოჯახისა და 18 კლასის წარმომადგენლებს. მიღებული შედეგები ხაზს უსვამს ბექობის არწივში არსებულ სოკოვან მრავალფეროვნებას. კვლევის შედეგად მიღებული ცოდნა შესაძლოა გახდეს საფუძველი ბექობის არწივში სოკოების გავრცელების შემდგომი ანალიზისათვის და კონსერვაციული ღონისძიებების გაუმჯობესებისათვის.

საკვანძო სიტყვები: ბექობის არწივი (*Aquila heliaca*), IUCN, ITS1, ITS2, ოპერაციული ტაქსონომიური ერთეული (OTU), NGS, სექვენირება.