

**Año: 2021**

**Título artículo:** Dataset of the next-generation sequencing of variable 16S rRNA from bacteria and ITS2 regions from fungi and plants derived from honeybees kept under anthropogenic landscapes.

**Revista, volumen, páginas:** Data in Brief, 36, 107019. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2021.107019>

**Autores:** Marek Gancarz, Paul J. Hurd, Przemyslaw Latoch, Andrew Polaszek, Joanna Michalska-Madej, Łukasz Grochowalski, Dominik Strapagiel, Sebastian Gnat, Daniel Załuski, Robert Rusinek, Agata L. Starosta, Patcharin Krutmuang, Raquel Martín Hernández, Mariano Higes Pascual, Aneta A. Ptaszynska

## RESUMEN:

Las abejas pecoreadoras de *Apis mellifera* se recolectaron de cuatro localidades ubicadas en Europa, es decir: Londres, Reino Unido; Atenas, Grecia; Marchamalo, España y Lublin, Polonia. Además, de Asia hemos recolectado *A. mellifera* y *A. cerana* de Chiang Mai en Tailandia. Utilizamos la secuenciación de nueva generación (NGS) para analizar los amplicones del gen bacteriano del ARN 16S ubicados en la región V3-V4 y el ITS2 de hongos y plantas derivados de muestras de abejas. Se prepararon bibliotecas de amplicones utilizando la preparación de biblioteca de secuenciación metagenómica 16S, preparación de amplificadores génicos de ARN ribosómico 16S para el protocolo Illumina MiSeq System (Illumina®). Los datos brutos de NGS están disponibles en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA686953>. Además, se utilizó ADN aislado como plantilla para el cribado de patógenos: *Nosema apis*, *N. ceranae*, *N. bombi*, ácaro traqueal (*Acarapis woodi*), cualquier organismo del orden parasitario Trypanosomatida, incluido *Crithidia* spp. (es decir, *Crithidia mellificae*), neogregarinas que incluyen *Mattesia* y *Apicystis* spp. (es decir, *Apicystis bombi*). Los datos presentados se pueden utilizar para comparar las muestras metagenómicas de diferentes poblaciones de abejas en todo el mundo. Una mayor carga de hongos y grupos de bacterias como: Firmicutes (*Lactobacillus*); Se observaron  $\gamma$ -proteobacterias, Neisseriaceae y otras bacterias no identificadas en abejas infectadas con *Nosema ceranae* y neogregarinas. Las abejas melíferas sanas tenían una mayor carga de pólenes de plantas y grupos de bacterias como: Orbales, Gilliamella, Snodgrassella y Enterobacteriaceae.

## Agradecimientos:

La publicación del artículo fue financiada por la Agencia Nacional Polaca de Intercambio Académico en el marco del Programa de Promoción Exterior (NAWA), para AAP (bee-research.umcs.pl; Api Lab UMCS PPI / PZA / 2019/1/0 0 039). Las abejas se recolectaron durante el proyecto Miniatura 2 ID 418332 fundado por NCN para AAP y los primeros planes de investigación fueron posibles gracias al proyecto EU: GB-TAF-7137 SYNTHESYS para AAP. El trabajo en el laboratorio de Hurd fue financiado por BBSRC (BB / L023164 / 1) y otorgado a PJH.