

Año: 2021

Título artículo: Amplicon Sequencing of Variable 16S rRNA from Bacteria and ITS2 Regions from Fungi and Plants, Reveals Honeybee Susceptibility to Diseases Results from Their Forage Availability under Anthropogenic Landscapes.

Revista, volumen, páginas: International Journal for Parasitology: Pathogens, 10, 381.
<https://doi.org/10.3390/pathogens10030381>

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

RESUMEN:

Las abejas *Apis mellifera* europea y *Apis cerana* asiática son polinizadores esenciales de cultivos. Los estudios de microbioma pueden proporcionar información compleja sobre la salud y la aptitud de estos insectos en relación con los cambios ambientales y la disponibilidad de plantas. La secuenciación de amplicones de regiones variables de el ARNr 16S de bacterias y las regiones espaciadoras transcritas internamente (ITS) de hongos y plantas permiten la identificación del metabioma. Estos métodos proporcionan una herramienta para monitorear los organismos no cultivados aislados del intestino de las abejas. También ayudan a monitorear la composición de los hongos intestinales y, curiosamente, el polen recolectado por el insecto. Aquí presentamos datos de la secuenciación de amplicones del ARNr 16S de bacterias y regiones ITS2 de hongos y plantas derivados de abejas recolectadas en varios puntos de tiempo de paisajes antropogénicos como áreas urbanas en Polonia, Reino Unido, España, Grecia y Tailandia. Hemos analizado el contenido microbiano del intestino de las abejas, así como de hongos y pólenes. 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., neogregarinas, incluidas *Mattesia* y *Apicystis* spp. (es decir, *Apicystis bombi*). Concluimos que las diferencias entre muestras fueron influenciadas principalmente por bacterias, polen de plantas y hongos, respectivamente. Además, las abejas que se alimentaban con una dieta basada en azúcar eran más propensas a los patógenos fúngicos (*Nosema ceranae*) y neogregarinas. En la mayoría de las muestras, *Nosema* sp. y neogregarinas parasitaron a la abeja huésped al mismo tiempo. Una mayor carga de hongos y grupos de bacterias como Firmicutes (*Lactobacillus*), se observaron γ -proteobacterias, Neisseriaceae y otras bacterias no identificadas para *Nosema ceranae* y abejas infectadas con neogregarina. Las abejas sanas tenían una mayor carga de polen de plantas y grupos de bacterias como: γ -proteobacteria, Orbales, *Gilliamella*, *Snodgrassella*, γ -proteobacteria y Enterobacteriaceae.

Finalmente, el período en el que las abejas pasan a la generación de invierno (abejas recolectoras de vida más larga) es el más sensible a las alteraciones de la dieta y, por lo tanto, al ataque de patógenos, para toda la apicultura. Es posible que la adaptación evolutiva de las abejas no las beneficie en el ambiente antropomorfizado moderno.

Agradecimientos:

La publicación del artículo fue financiada por la Agencia Nacional Polaca de Intercambio académico bajo el Programa de Promoción Exterior (NAWA), para AAP (bee-research.umcs.pl; Api Lab UMCS PPI / PZA / 2019/1/00039). Las abejas fueron recolectadas 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 Starosta fue financiado por EMBO Installation Grants 2017 y POIR. 04.04.00-00-3E9C / 17-00 para ALS. Trabajar en el Hurd lab fue financiado por BBSRC (BB / L023164 / 1) y otorgado a PJH.