

ITS2 Metabarcoding and Open Data Approaches in Honey Bee Pollen Research

Elif Dilay Şahin^{1*}, Yasin Kahya²

¹Ankara University, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Department of Animal Science, 06110, Ankara, Türkiye

²Ankara University, Faculty of Agriculture, Department of Animal Science, 06110, Ankara, Türkiye

Abstract

Honey bees (*Apis mellifera*) are among the most important pollinating agents supporting the sustainability of terrestrial ecosystems and agricultural production. Determining the botanical origin of pollen collected by honey bees provides critical information for melissopalynology, pollination biology, colony development, and ecological monitoring studies. Conventional microscopic pollen identification methods have been widely used for many years; however, due to their time-consuming nature and the requirement for advanced expertise in pollen taxonomy, molecular-based identification methods have increasingly been preferred in recent years. In DNA metabarcoding studies, the Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2) region has emerged as a powerful molecular marker effectively used for discriminating plant taxa. Large amounts of ITS2 sequence data have accumulated in open-access molecular databases such as NCBI GenBank. Nevertheless, the potential for re-evaluating these open-access datasets in honey bee pollen research and melissopalynological studies has not yet received sufficient attention. Re-analysis of open-access molecular datasets has the potential not only to generate new biological interpretations but also to contribute to reproducible and sustainable scientific research through the re-evaluation of existing data. In this context, interdisciplinary analysis pipelines integrating open-source analytical software workflows, BLAST-based taxonomic matching systems, metabarcoding analysis tools, and network analysis approaches are widely used. This presentation aims to highlight the importance of integrating ITS2 metabarcoding with open-data approaches in honey bee pollen research. For this purpose, a bioinformatic re-evaluation based on the re-analysis of ITS2 datasets obtained from publicly available research data is presented as an example, demonstrating the potential of such approaches for advancing melissopalynological studies through the testing of different hypotheses. The proposed approach is expected to contribute to the molecular identification of bee flora, the evaluation of pollen resources in urban landscapes, and the testing of new hypotheses in pollination research.

Keywords: *Apis mellifera*, ITS2 metabarcoding, melissopalynology, open data, bioinformatics, pollen analysis, DNA metabarcoding

Bal Arısı Polen Araştırmalarında ITS2 Metabarkodlama ve Açık Veri Yaklaşımları

Özet

Bal arısı (*Apis mellifera*), karasal ekosistemlerin sürdürülebilirliğini ve tarımsal üretimi destekleyen önemli tozlayıcı ajanlardan biridir. Bal arılarının topladığı polenlerin botanik kökeninin belirlenmesi; melissopalinojisi, polinasyon biyolojisi, koloni gelişimi ve ekolojik izleme çalışmaları açısından kritik bilgiler sunmaktadır. Geleneksel mikroskopik polen tanımlama yöntemleri uzun yıllardır kullanılmaktadır; ancak bu yöntemlerin zaman alıcı olması ve ileri düzey polen taksonomisi uzmanlığı gerektirmesi nedeniyle son yıllarda moleküler tabanlı tanımlama yöntemlerinin kullanımı giderek daha fazla tercih edilmektedir. DNA metabarkodlama çalışmalarında “Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2)” bölgesi, bitki taksonlarının ayırt edilmesinde etkin biçimde kullanılan güçlü bir moleküler belirteç olarak öne çıkmaktadır. NCBI GenBank gibi açık erişimli moleküler veri tabanlarında büyük miktarda ITS2 dizisi birikmiş durumdadır. Ancak bu açık erişimli veri setlerinin bal arısı polen araştırmaları ve melissopalinojisi çalışmaları bakımından yeniden değerlendirilme potansiyeli henüz yeterince dikkat çekmemiştir. Açık erişimli moleküler veri setlerinin yeniden analiz edilmesi, mevcut verilerin yeniden değerlendirilmesi yoluyla tekrarlanabilir ve sürdürülebilir bilimsel araştırmaların yürütülmesinin yanı sıra yeni biyolojik yorumların geliştirilmesine de katkı sağlama potansiyeline sahiptir. Bu kapsamda açık kaynak kodlu analiz yazılımlarına dayalı iş akışları, BLAST tabanlı taksonomik eşleştirme sistemleri, metabarkod analiz araçları ve ağ analiz yöntemlerini bir araya getiren disiplinlerarası analiz hatları yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu sunumda, bal arısı polen araştırmalarında ITS2 metabarkodlama ile açık veri yaklaşımlarının bütünleştirilmesinin öneminin ortaya konulması amaçlanmaktadır. Bu amaç doğrultusunda, bir bilimsel araştırmaya ait açık veri kaynaklarından elde edilen ITS2 verilerinin yeniden analizi ile farklı hipotezlerin test edilmesine olanak sağlayan biyoinformatik bir değerlendirme örnek olarak sunulmuş, böylece melissopalinojisi çalışmalarının geliştirilmesindeki söz konusu potansiyel ortaya konulmuştur. Önerilen yaklaşımın; arı florasının moleküler düzeyde tanımlanması, şehir peyzajındaki polen kaynaklarının değerlendirilmesi ve polinasyon araştırmalarında yeni hipotezlerin test edilmesine katkı sağlayacağı düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: *Apis mellifera*, ITS2 metabarkodlama, melissopalinojisi, açık veri, biyoinformatik, polen analizi, DNA metabarkodlama

