



<i>Plantaginaceae</i>	0,00	0,00	0,00	0,21	0,10	0,00	0,00	0,01	0,01	2,08	2,29	2,38	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Plantago</i>																		
other	1,11	1,64	1,36	1,41	1,06	0,68	1,64	1,79	2	3,75	3,31	2,37	4,43	3,48	4,78	0,1	0,29	0,26
Fungi (%)	94,14	93,19	94,16	6,5	14,72	7,54	10,62	9,8	13,33	87,61	85,5	88,82	57,61	61,93	57,95	12,01	10,58	11,18
<i>Cladosporiaceae</i>																		
<i>Cladosporium</i>	2,20	2,50	4,55	2,37	4,44	0,01	1,31	1,12	1,19	11,88	9,80	11,06	9,74	13,79	10,17	0,20	0,30	0,43
<i>Capnodiales</i>																		
unassigned	16,37	14,72	11,51	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,42	0,33	0,31	0,12	0,09	0,57	0,00	0,00	0,00
<i>Pseudeurotiaceae</i>																		
<i>Betisia</i>	4,78	4,50	3,33	0,01	0,10	0,00	0,14	0,27	0,19	9,80	10,90	12,90	0,28	0,10	0,18	0,10	0,05	0,04
<i>Saccharomycetaceae</i>																		
<i>Zygosaccharomyces</i>	33,28	34,99	39,49	0,06	0,04	0,00	0,85	1,05	1,72	2,87	2,84	2,59	0,70	0,80	2,50	0,04	0,14	0,12
<i>Aspergillaceae</i>																		
<i>Aspergillus</i>	2,30	2,59	1,29	0,23	0,66	0,00	2,65	2,62	6,01	16,55	15,60	15,79	0,24	0,84	0,38	0,02	0,11	0,00
<i>Sclerotiniaceae</i>																		
unassigned	0,00	0,14	0,00	0,19	1,05	0,00	0,30	0,33	0,16	0,57	0,75	1,04	0,01	0,00	0,00	0,53	0,53	0,45
<i>Mycosphaerellaceae</i>																		
<i>Mycosphaerella</i>	2,46	1,99	3,79	0,89	2,12	0,00	1,52	0,58	0,34	4,51	3,81	4,80	5,19	7,03	7,84	0,55	0,96	0,67
<i>Pleosporeae</i>																		
<i>Alternaria</i>	2,77	4,32	3,12	0,26	0,56	7,47	0,89	1,09	0,91	0,67	0,47	1,06	3,19	3,40	1,98	0,59	0,46	0,42
<i>Aspergillaceae</i>																		
<i>Penicillium</i>	5,04	3,53	3,05	0,14	0,47	0,00	0,26	0,15	0,16	9,66	9,95	13,59	0,56	1,05	0,74	0,89	1,08	0,91
<i>Myxotrichaceae</i>																		
unassigned	2,37	3,13	3,54	0,00	0,04	0,00	0,33	0,36	0,33	2,70	2,57	2,74	0,05	0,00	0,12	1,14	0,74	0,52
<i>Sporidiobolaceae</i>																		
<i>Rhodotorula</i>	0,00	0,04	0,10	0,25	0,50	0,00	0,26	0,17	0,34	0,06	0,08	0,56	5,31	5,35	3,71	0,00	0,00	0,15
<i>Leotiomyces</i>																		
unassigned	0,01	0,00	0,03	0,03	0,06	0,00	0,00	0,08	0,03	0,21	0,26	0,27	3,00	4,25	3,38	0,09	0,03	0,08
other	22,56	20,74	20,36	2,07	4,68	0,06	2,11	1,98	1,95	27,71	28,14	22,11	29,22	25,23	26,38	7,86	6,18	7,39
Unassigned (%)	4,54	4,47	4,08	0,01	0,03	0,00	0,00	0,01	0,00	0,33	0,70	0,65	0,31	0,16	0,28	0,08	0,01	0,04

**Table S2. A.** Taxonomy of 16S amplicon sequencing. Four subgroups of two bees (UK, GR, ES) or four bees (TAI) each were analysed. Table presents relative abundance of each of the listed bacterium (numbers as percentages) in relation to the entire amplicon.

Sample / Bacteria	UK1	UK2	GR1	GR2	ES1	ES2	TAI1	TAI2	TAI3	TAI4
Country	UK	UK	Greece	Greece	Spain	Spain	Thailand	Thailand	Thailand	Thailand
Species	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. cerana</i>
<i>Firmicutes</i>										
<i>Lactobacillus</i>	24,32	22,03	26,84	25,84	33,11	20,73	67,78	4,12	70,74	27,17
<i>γ-proteobacteria, Orbales</i>										
<i>Gilliamella</i>	21,24	18,46	0,49	9,78	36,63	0,70	2,02	1,16	9,91	33,45
<i>α-proteobacteria, Acetobacterales</i>										
<i>Commensalibacter</i>	0,94	0,55	0,00	0,50	0,35	0,38	6,73	0,04	0,00	1,51
<i>α-proteobacteria, Rhizobiales</i>										
<i>Bartonella</i>	18,51	0,00	0,14	49,29	4,53	66,67	13,30	0,86	0,00	9,88
<i>γ-proteobacteria, Neisseriaceae</i>										
<i>Snodgrassella</i>	20,19	27,84	0,05	4,30	0,95	4,41	2,78	0,73	3,60	13,13
<i>Actinobacteria</i>										
<i>Bifidobacterium</i>	7,22	17,54	54,41	5,55	8,05	6,21	4,71	0,27	0,47	2,63
<i>γ-proteobacteria, Orbales</i>										
<i>Frischella</i>	6,13	6,56	0,00	0,99	1,58	0,23	0,00	0,08	0,00	8,23
<i>Bacteroidetes</i>										
<i>Dysgonomonas</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	5,99	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacteroidetes</i>										
<i>Apibacter</i>	0,00	0,00	0,02	0,00	0,13	0,00	0,00	0,00	3,67	0,00

<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i> <i>Serratia</i>	0,05	0,00	0,00	0,41	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>γ-proteobacteria</i> <i>Pseudomonas</i>	0,00	0,47	0,19	0,00	8,40	0,03	0,02	0,43	0,00	0,94
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i> <i>Arsenophonus</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	92,11	0,00	2,42
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i> <i>Klebsiella</i>	0,37	0,00	0,00	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cyanobacteria</i> unassigned	0,28	1,78	11,66	0,01	0,01	0,00	0,00	0,13	0,00	0,15
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteri-</i> <i>aceae</i> unassigned	0,19	0,23	0,32	0,48	0,04	0,01	0,04	0,00	0,00	0,04
<i>Actinobacteria</i> <i>Cutibacterium</i>	0,08	0,41	0,06	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,03
<i>α-proteobacteria, Acetobacterales</i> <i>Bombella</i>	0,03	0,01	0,00	0,03	0,04	0,43	0,10	0,01	7,05	0,04
<i>Firmicutes, Lactobacillales</i> <i>Fructobacillus</i>	0,01	0,64	0,00	0,51	0,00	0,01	2,11	0,00	4,49	0,00
<i>Firmicutes, Lactobacillales</i> <i>Streptococcus</i>	0,00	0,80	0,60	0,00	0,04	0,01	0,01	0,01	0,00	0,08
<i>α-proteobacteria</i> <i>Rickettsiales</i>	0,01	0,05	4,01	0,00	0,03	0,00	0,00	0,04	0,00	0,12
<i>Fusobacteria</i> <i>Leptotrichia</i>	0,01	0,25	0,05	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i> <i>Morganella</i>	0,01	0,00	0,00	0,43	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00
<i>Firmicutes</i> <i>Veillonella</i>	0,00	0,42	0,40	0,00	0,03	0,00	0,02	0,00	0,00	0,01
other bacteria	0,41	1,96	0,76	0,45	0,08	0,18	0,38	0,00	0,05	0,17

**Table S2. B.** Taxonomy of ITS2 amplicon sequencing. Four subgroups of two bees (UK, GR, ES) or four bees (TAI) each were analysed. Hits for plants and fungi were grouped into separate fractions. % for either Plant or Fungi is a sum of all counts for each fraction (highlighted in grey).

Sample	UK1	UK2	GR1	GR2	ES1	ES2	TAI1	TAI2	TAI3	TAI4
Country	UK	UK	Greece	Greece	Spain	Spain	Taiwan	Taiwan	Taiwan	Taiwan
Species	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. mellifera</i>	<i>A. cerana</i>	<i>A. cerana</i>
Fungi (%)	12,58	90,79	7,96	6,03	99,87	99,95	99,28	7,04	97,75	99,85
Saccharomycetaceae/ Lachancea	2,44	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	9,09	0,00	0,18	0,00
Aureobasidiaceae/ Aureobasidium	0,92	0,45	0,16	0,07	0,01	0,00	0,05	0,00	0,00	0,35
Pleosporaceae/ Alternaria	0,67	1,76	0,63	0,69	0,04	0,00	0,35	0,04	0,00	0,41
Cladosporiaceae / Cladosporium	1,36	1,40	1,00	0,48	0,18	0,00	0,88	4,32	0,00	59,03
Mycosphaerellaceae / Mycosphaerella	1,36	5,20	1,24	1,09	0,02	0,00	0,15	0,06	0,11	0,08
Sordariaceae / unassigned	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	25,37	0,00
Botryosphaeriaceae / Lasiodiplodia	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	23,78	0,00
Aspergillaceae / Penicillium	0,58	0,25	0,59	0,00	98,22	0,00	6,53	0,00	0,01	0,00
Aspergillaceae / Aspergillus	0,11	0,00	0,00	0,00	0,04	0,02	66,42	0,03	42,77	1,94
Myxotrichaceae / unassigned	0,03	73,85	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Saccharomycetales / Starmerella	0,01	0,02	0,01	0,00	0,01	99,81	0,02	0,01	0,09	0,00
Pleosporales	0,00	0,13	0,04	0,04	0,00	0,00	0,51	0,79	0,00	30,38
Apiosporaceae/ Arthrinium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	4,02	0,00	0,01	0,00
other	5,10	7,73	4,29	3,66	1,35	0,12	11,26	1,79	5,43	7,66
Plants (%)	87,42	9,21	92,02	93,97	0,12	0,04	0,25	92,94	0,50	0,15

Apiaceae / Ammi	29,78	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Fabaceae / Astragalus	23,55	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Resedaceae / Reseda	14,43	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Fabaceae / Styphnolobium	12,94	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Hypericaceae / Hypericum	2,95	0,00	0,00	0,62	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Oleaceae / Ligustrum	0,43	0,20	0,08	22,39	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Hydrangeaceae / Hydrangea	0,31	1,22	0,51	38,51	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Bignoniaceae / unassigned	0,00	5,58	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Myrtaceae / Myrtus	0,00	0,85	0,00	7,96	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Scrophulariaceae / Buddleja	0,00	0,12	0,12	8,07	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Asteraceae / unassigned	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	91,33	0,00	0,00
Asteraceae / Hypochaeris	0,00	0,04	0,00	2,35	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Eudicotyledonae / unassigned	0,00	0,00	89,14	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Myrtaceae / Eucalyptus	0,00	0,00	1,49	0,44	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Cucurbitaceae / Lagenaria	0,00	0,00	0,00	3,45	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Asteraceae / Picris	0,00	0,00	0,00	2,31	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Fabaceae / Pterocarpus	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,16	0,00	0,42	0,00
Fabaceae / Mimosa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,67	0,00	0,15
Asteraceae / Bidens	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,65	0,00	0,00
Myrtaceae / Syzygium	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,06	0,00
Araliaceae / Hedera	0,00	0,00	0,07	0,00	0,12	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00
other	3,03	1,07	0,61	7,87	0,00	0,00	0,01	0,29	0,02	0,00
Unassigned	0,00	0,00	0,02	0,00	0,01	0,01	0,47	0,02	1,75	0,00

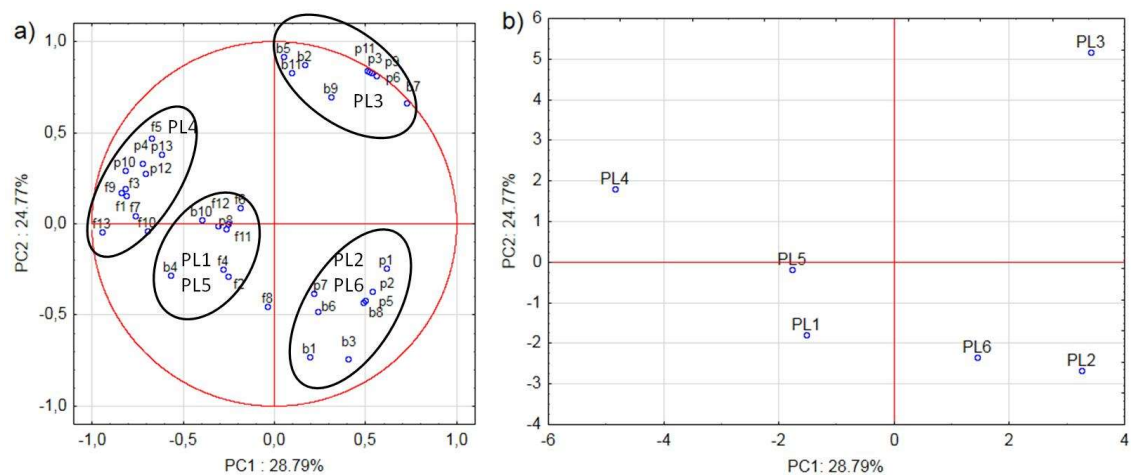
**Table S3.** Detection of the pathogens in honeybee samples.

Pathogen name	Primers used for pathogen detection	reference	Presence in the studied sample
<i>Nosema apis</i>	APIS FOR 5'- GGGGGCATGCTTTGACGTACTATGTA-3' APIS REV 5'- GGGGGGCGTTTTAAATGTGAAACAACACTATG-3'	Martín- Hernández et al. [66]	Not detected
<i>Nosema ceranae</i>	MITOC FOR 5'- CGGCGACGATGTGATATGAAAAATATTAA-3' MITOC REV 5'- CCCGGTCATTCTCAAACAAAAAACCG-3'	Martín- Hernández et al. [66]	Poland (PL1, PL4, PL6); United Kingdom (UK2); Greece (GR1); Spain (ES2); Thailand <i>Apis mellifera</i> (TAI1); Thailand <i>Apis cerana</i> (TAI4)
<i>Nosema bombi</i> 323bp	Nbombi-SSU-J F: CCATGCATGTTTTGAAGATTATTAT R: CATATATTTTTAAATATGAAACAATAA	Klee et al. [86]	Not detected
Tracheal mite ( <i>Acarapis woodi</i> )	5'-TCTTCAATTTTAATTATACGT-3' 5'-CAAAAATCAGAATAAATGTTGAAATA-3'	Yang et al. [87]	Not detected
Any organism in the parasitic order Trypanosomatida, includ- ing <i>Crithidia</i> spp. (i.e. <i>Crithidia</i> <i>mellificae</i> )	SEF: 5'- CTTTTGGTCGGTGGAGTGAT-3' SER: 5'-GGACG TAATCGGCACAGTTT-3'	Meeus et al. [88]	Not detected
Neogregarines including <i>Mattesia</i> and <i>Apicystis</i> spp. (i.e. <i>Apicystis bombi</i> )	NeoF: 5'-CCAG CATGGAATAACATGTAAGG-3' NeoR: 5'-GACAGCTTCC AATCTCTAGTCG-3'	Meeus et al. [88]	Poland (PL4, PL6); Greece (GR1); Spain (ES2); Thailand <i>Apis mellifera</i> (TAI1); Thailand <i>Apis cerana</i> (TAI4)

**Table S4. The correlation between honeybees' health status and the detected bacteria.** Data with significant differences are written in bold. The ANOVA test,  $\alpha = 0.05$ ;  $p \leq 0.05$ .

	<b>P value</b>
<i>Firmicutes</i>	
<i>Lactobacillus</i>	<b>0,001744</b>
<i>γ-proteobacteria, Orbales</i>	
<i>Gilliamella</i>	<b>0,017399</b>
<i>α-proteobacteria, Acetobacterales</i>	
<i>Commensalibacter</i>	0,119138
<i>α-proteobacteria, Rhizobiales</i>	
<i>Bartonella</i>	0,068737
<i>γ-proteobacteria, Neisseriaceae</i>	
<i>Snodgrassella</i>	<b>0,036455</b>
<i>Actinobacteria</i>	
<i>Bifidobacterium</i>	0,060827
<i>γ-proteobacteria, Orbales</i>	
<i>Frischella</i>	0,056530
<i>Bacteroidetes</i>	
<i>Dysgonomonas</i>	0,346594
<i>Bacteroidetes</i>	
<i>Apibacter</i>	0,324604
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i>	
<i>Serratia</i>	0,283847
<i>γ-proteobacteria</i>	
<i>Pseudomonas</i>	0,244753
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i>	
<i>Arsenophonus</i>	0,334947
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i>	
<i>Klebsiella</i>	0,229814
<i>Cyanobacteria</i>	
<i>unassigned</i>	0,250109
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriaceae</i>	
<i>unassigned</i>	<b>0,040270</b>
<i>Actinobacteria</i>	
<i>Cutibacterium</i>	0,177661
<i>α-proteobacteria, Acetobacterales</i>	
<i>Bombella</i>	0,303179
<i>Firmicutes, Lactobacillales</i>	
<i>Fructobacillus</i>	0,147061
<i>Firmicutes, Lactobacillales</i>	
<i>Streptococcus</i>	0,100507
<i>α-proteobacteria</i>	
<i>Rickettsiales</i>	0,314460
<i>Fusobacteria</i>	
<i>Leptotrichia</i>	0,223819
<i>γ-proteobacteria, Enterobacteriales</i>	
<i>Morganella</i>	0,308404
<i>Firmicutes</i>	
<i>Veillonella</i>	0,111057
<b>other bacteria</b>	<b>0,034245</b>

### Supplementary materials Figures S1



**Figure S1.** Loading plot (a) and score plot (b) of the principal components analysis (PC1 and PC2) carried out on the analytical data of the taxonomy detected in all Polish bees (PL1 to PL6).

**Table S5.** The list of primers and PCR conditions.

Gene	Region	Name	Sequences (5'-3')	AT (°C)	Product size (bp)	References
16S rRNA	V3-V4	341f	CCTACGGGNGGCWGCAG	55	444	Klindworth et al., 2013 [83]
		785r	GACTACHVGGGTATCTAATCC			
5.8S rRNA	ITS2	ITS3	GCATCGATGAAGAACGCAG	60	330	White et al., 1990 [84]
		ITS4	TCCTCCGTTATTGATATGC			