

**Note:**

This document contains the Catalan translation of the abstract of Pladevall et al. "The genome sequence of the Violet Copper, *Lycaena helle* (Denis & Schiffermüller, 1775)", *F1000research* (2024), <https://doi.org/10.12688/f1000research.156485.1>, and a non-specialist summary. Please use this citation when referring to this work.

**Nota:**

Aquest document conté la traducció catalana Catalan translation of the abstract of Pladevall et al. "The genome sequence of the Violet Copper, *Lycaena helle* (Denis & Schiffermüller, 1775)", *F1000research* (2024) <https://doi.org/10.12688/f1000research.156485.1>, i un resum divulgatiu. Si us plau, utilitzeu aquesta citació quan feu referència a aquest treball.

## La seqüència del genoma de la Coure Violeta, *Lycaena helle* (Denis & Schiffermüller, 1775)

Pladevall C<sup>1</sup>, Caritg R<sup>1</sup>, Cámara F<sup>2,3</sup>, Carbonell S<sup>4</sup>, Gómez-Garrido J<sup>2,3</sup>, Cruz F<sup>2,3</sup>, Gut M<sup>2,3</sup>, Arroyo V<sup>1</sup>, Komac B<sup>1</sup>, Vila R<sup>5</sup>, Guigó R<sup>3</sup>, Alioto T<sup>2,3</sup>, Niell M<sup>1</sup>,

<sup>1</sup> Andorra Recerca + Innovació (AR+I), Sant Julià de Lòria, Andorra

<sup>2</sup> Centre Nacional de Anàlisi Genòmica (CNAG), Barcelona, Catalonia, Spain

<sup>3</sup> Universitat de Barcelona (UB), Barcelona, Catalonia, Spain

<sup>4</sup> Centre de Regulació Genòmica (CRG), Universitat Pompeu Fabra, Barcelona, Catalonia, Spain

<sup>5</sup> Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), Barcelona, Catalonia, Spain

La correspondència en català sobre aquest article es pot adreçar a MN (Manel Niell, [mniell@ari.ad](mailto:mniell@ari.ad))

### Resum

Presentem l'assemblatge del genoma d'un individu femella de l'espècie *Lycaena helle* (coure violeta; *Arthropoda*; *Insecta*; *Lepidoptera*; *Lycaenidae*). El genoma té una mida de 547,31 megabases. La totalitat del genoma s'ha seqüenciat i s'ha bastit en 25 pseudomolècules cromosòmiques contigües, incloent-hi els cromosomes sexuals Z i W. També s'ha realitzat l'assemblatge del genoma mitocondrial, que té una mida de 15,5 kilobases. L'anotació d'aquest assemblatge ha identificat 20.122 gens que codifiquen per a proteïnes.

**Paraules clau:** *Lycaena helle*, coure violeta, seqüenciació genòmica, seqüenciació de l'RNA, *Lepidoptera*,

### Antecedents i importància

El genoma de la papallona coure violeta, *Lycaena helle* (Figura 1) també anomenada per alguns autors *Helleia helle* (Zhang et al., 2022), ha estat seqüenciat com a part de la iniciativa catalana per l'Earth Biogenome Project (CBP, Corominas et al., en premsa), la qual té com a objectiu produir un catàleg detallat del genoma d'espècies eucariotes als Països Catalans. La seqüència completa dels cromosomes d'aquesta espècie està basada en un espècimen femella capturat a Andorra.

Aquesta espècie es caracteritza per un fort dimorfisme sexual. Els mascles tenen ales de color fosc amb una intensa iridescència porpra, amb taques negres i el marge també negre. Les femelles no tenen aquesta iridescència tan acusada i les marques negres de les ales anteriors són més petites.

El cicle vital de la població andorrana de *L. helle* comença al juny o juliol, quan les erugues surten de l'ou. En dues o tres setmanes, l'eruga es converteix en pupa. La pupa hiverna i l'imago emergeix entre maig i principis de juny de l'any següent. La papallona adulta s'alimenta del nèctar de diferents espècies de flors. Durant aquests mesos, les femelles fecundes dipositen els ous a la part inferior de les fulles de la bistorta (*Bistorta officinalis*), l'única planta hoste de les larves.

En el darrer període glacial i a l'inici del període postglacial, l'espècie estava àmpliament distribuïda per Europa central (Habel *et al.*, 2010). Durant l'escalfament climàtic del període postglacial, aquesta espècie es va desplaçar a altituds i latituds més elevades (Habel *et al.*, 2010) i les poblacions del sud van quedar relegades a les muntanyes. L'aïllament i el fet que es tracta d'una espècie sedentària (Baguette and Nève, 1994) fan que les poblacions d'*L. helle* siguin susceptibles de patir fortes fluctuacions estocàstiques (Lesica and Allendorf, 1995; Melbourne and Hastings, 2008). Diversos estudis amb microsatèl·lits (seqüències altament repetides) han demostrat que el grau de diferenciació genètica entre individus de diferents serralades és força elevat (Habel *et al.*, 2010, 2011). L'anàlisi de l'ADN mitocondrial ha mostrat que aquesta espècie té una estructura genètica espacial relativament alta (GST = 0,684), tot i que la divergència intraespecífica màxima és moderada (0,7%) (Dapporto *et al.*, 2022).

A causa del canvi climàtic, es preveu un escenari d'erosió genètica per a *L. helle* en un futur pròxim (Habel *et al.*, 2011). La fragmentació actual de la distribució d'aquesta espècie altera la connectivitat entre poblacions i pot causar una disminució de la seva mida, amb la corresponent pèrdua de diversitat com a conseqüència de la deriva genètica. Aquest fenomen pot arribar a afectar el potencial evolutiu de l'espècie a llarg termini (Peacock and Smith, 1997; Frankham and Ralls, 1998; Couvet, 2002; Stockwell, Hendry and Kinnison, 2003). La reducció de la diversitat genètica mina la capacitat d'una espècie per respondre a canvis en l'entorn (Keller and Waller, 2002; Bijlsma and Loeschcke, 2012; Trense, Hoffmann and Fischer, 2021), la qual cosa pot conduir a la seva extinció (Barnosky *et al.*, 2011).

Hom calcula que la població andorrana d'*L. helle* és només d'un parell de desenes d'individus (Ubach & Stefanescu, *com. pers.*). *Lycaena helle* està classificada com "en perill" a la Llista Vermella Europea de Papallones (van Swaay, 2010) i a la Llista Vermella Espanyola (Jubete *et al.*, 2019), i com "en perill crític" a la Llista Vermella Preliminar de les Papallones d'Andorra (Ubach and Stefanescu, 2022).

El genoma d'aquesta espècie té un nombre haploide de cromosomes de  $n = 24$  (Robinson, 1990). En aquest estudi s'ha generat un assemblatge del genoma d'alta qualitat i s'ha dut a terme la seqüenciació d'RNA amb metodologies de lectura llarga a partir de l'ala i la pota del mateix individu utilitzat per a la seqüenciació del genoma. Els resultats d'aquesta seqüenciació han estat utilitzats per produir una anotació gènica del genoma.



**Figura 1.** Fotografia de la Coure Violoeta (*Lycaena helle*) Guy Padfield  
<https://guypadfield.com/violetcopper.html>

## Referències

- Baguette, M. and Nève, G. (1994) "Adult movements between populations in the specialist butterfly *Proclissiana eunomia* (Lepidoptera, Nymphalidae)," *Ecological Entomology*, 19(1), pp. 1–5. doi:10.1111/j.1365-2311.1994.tb00382.x.
- Barnosky, A.D. *et al.* (2011) "Has the Earth's sixth mass extinction already arrived?," *Nature*, 471(7336), pp. 51–57. doi:10.1038/nature09678.
- Bijlsma, R. and Loeschcke, V. (2012) "Genetic erosion impedes adaptive responses to stressful environments.," *Evolutionary applications*, 5(2), pp. 117–129. doi:10.1111/j.1752-4571.2011.00214.x.
- Couvet, D. (2002) "Deleterious effects of restricted gene flow in fragmented populations," *Conservation Biology*, 16(2), pp. 369–376. doi:10.1046/j.1523-1739.2002.99518.x.
- Dapporto, L. *et al.* (2022) "The atlas of mitochondrial genetic diversity for Western Palaearctic butterflies," *Global Ecology and Biogeography* [Preprint]. doi:10.1111/geb.13579.
- Frankham, R. and Ralls, K. (1998) "Inbreeding leads to extinction," *Nature*, 392(6675), pp. 441–442. doi:10.1038/33022.
- Habel, J.C. *et al.* (2010) "Biogeography meets conservation: the genetic structure of the endangered lycaenid butterfly *Lycaena helle* (Denis & Schiffermüller, 1775)," *Biological Journal of the Linnean Society*, 101(1), pp. 155–168. doi:10.1111/j.1095-8312.2010.01471.x.
- Habel, J.C. *et al.* (2011) "Global warming will affect the genetic diversity and uniqueness of *Lycaena helle* populations," *Global Change Biology*, 17(1), pp. 194–205. doi:10.1111/j.1365-2486.2010.02233.x.
- Jubete, F. *et al.* (2019) *Bases técnicas para la conservación de los lepidópteros amenazados en España*.
- Keller, L. and Waller, D.M. (2002) "Inbreeding effects in wild populations," *Trends in Ecology & Evolution*, 17(5), pp. 230–241. doi:10.1016/S0169-5347(02)02489-8.
- Lesica, P. and Allendorf, F.W. (1995) "When Are Peripheral Populations Valuable for Conservation?," *Conservation Biology*, 9(4), pp. 753–760. doi:10.1046/j.1523-1739.1995.09040753.x.
- Melbourne, B.A. and Hastings, A. (2008) "Extinction risk depends strongly on factors contributing to stochasticity.," *Nature*, 454(7200), pp. 100–103. doi:10.1038/nature06922.
- Peacock, M.M. and Smith, A.T. (1997) "The effect of habitat fragmentation on dispersal patterns, mating behavior, and genetic variation in a pika (*Ochotona princeps*) metapopulation.," *Oecologia*, 112(4), pp. 524–533. doi:10.1007/s004420050341.
- Robinson, R. (1990) "Genetics of European Butterflies," in Kudrna, O. (ed.) *Introduction to Lepidopterology*. Aula-Verlag, Wiesbaden, Germany: Balogh Scientific Books (Butterflies of Europe), pp. 234–306.
- Stockwell, C.A., Hendry, A.P. and Kinnison, M.T. (2003) "Contemporary evolution meets conservation biology," *Trends in Ecology & Evolution*, 18(2), pp. 94–101. doi:10.1016/S0169-5347(02)00044-7.
- van Swaay, C. (2010) *European Red List Of Butterflies*. Gland, Switzerland]: Luxembourg, p. 47.

Trense, D., Hoffmann, A.A. and Fischer, K. (2021) "Large- and small-scale geographic structures affecting genetic patterns across populations of an Alpine butterfly.," *Ecology and Evolution*, 11(21), pp. 14697–14714. doi:10.1002/ece3.8157.

Ubach, A. and Stefanescu, C. (2022) *Proposta d'una nova llista vermella de les papallones diürnes d'Andorra*. Museu de Ciències Naturals de Granollers.

Zhang, J. *et al.* (2022) "Taxonomic discoveries enabled by genomic analysis of butterflies.," *The taxonomic report of the International Lepidoptera Survey*, 10(7), pp. 1–59. doi:10.5281/zenodo.7160429.