

FIRST COMPLETE MITOCHONDRIAL GENOME OF *Paulosawaya*



Jose Guzman¹
J.guzmana@uniandes.edu.co
intern

Andrew J. Crawford¹
aj.crawford244@uniandes.edu.co
professor

ursina

Mailyn González²
magonzalez@humboldt.org.co
Asesor

Vladimir Sandoval²
jsandoval@humboldt.org.co
asesor



¹Department of Biological Sciences, Universidad de Los Andes, ²Alexander von Humboldt Biological Resources Research Institute

Background

Paulosawaya ursina (Blanchard, 1850) (Coleoptera: Scarabaeidae: Melolonthinae: Macrodactylini), commonly known as the May chafer, is a beetle species endemic to the Altiplano Cundiboyacense, a high plateau in the Eastern Cordillera of the Colombian Andes. It holds significant agronomic importance, as its larvae feed on grass, flowers, vegetables, and potato crops in the region. Unlike other species from this genus, *P. ursina* reproduces twice a year, making it a rare example of asynchronous reproduction in sympatric populations, which is an understudied phenomenon.

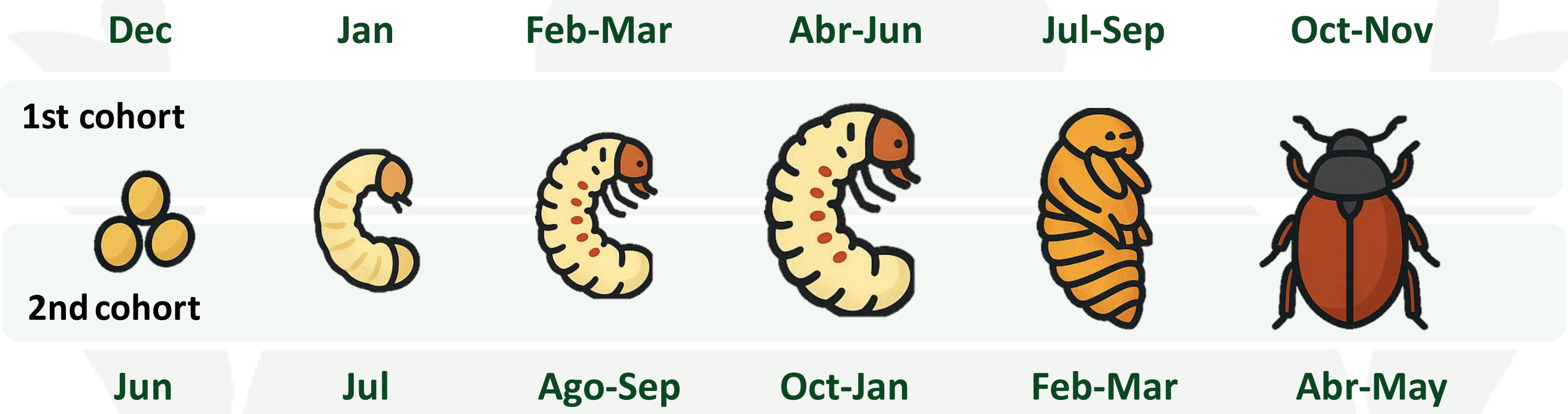


Fig. 1 Diagram showing life-cycle of 2 cohorts of *P. ursina*

Genomic data are essential for understanding species' ecological and evolutionary dynamics. Currently, no genomic information is available for *P. ursina*. Within the Scarabaeidae family, 62 genomes have been annotated, only 13 at the chromosome level. Additionally, 31 mitochondrial genomes have been deposited in GenBank, the closest to *P. ursina* being *Polyphylla gracilicornis*.

This work is a pilot study of a museomics initiative, aimed to improve genetic data recovery from museum specimens, highlighting the untapped potential of biological collections for advancing scientific research in fields like genomics.

Results and discussion

Four specimens were selected for sequencing based on the integrity of the extracted DNA and DNA concentration. The integrity number (DIN) of the samples reported by MacroGen was 5.9, 4.2, 3.9, and 2.7.

All samples retrieved Q values >30. After the assembly of the sequences, an average of 651198 contigs were retrieved from each sample. For each sample, contigs of ~16 kbp were selected as candidate for mitochondrial genome.

The expected 37 mitochondrial genes were successfully annotated, as shown in Fig. 4.

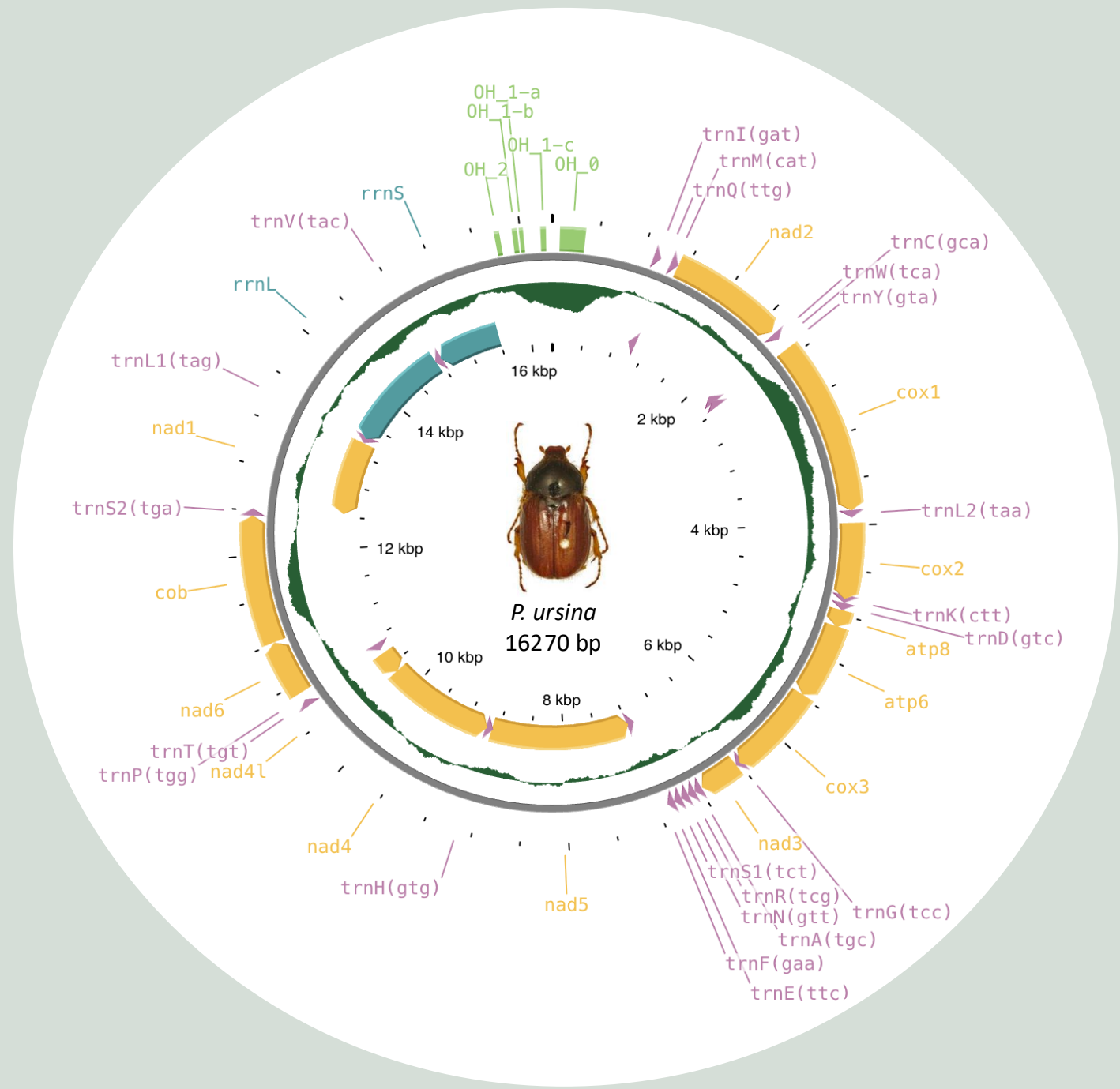


Fig. 4 Ideogram showing genes annotated for mitochondrial genome of *Paulosawaya ursina* specimen identified with code PU55

The results obtained from our approach are, by far, better than expected, as working with museum specimens has been reported as difficult. These results could be due to the age of the specimens (<3 years) and the known methods of sacrifice and preservation (frozen and pinned with no chemical products nor high temperatures).

Materials and methods

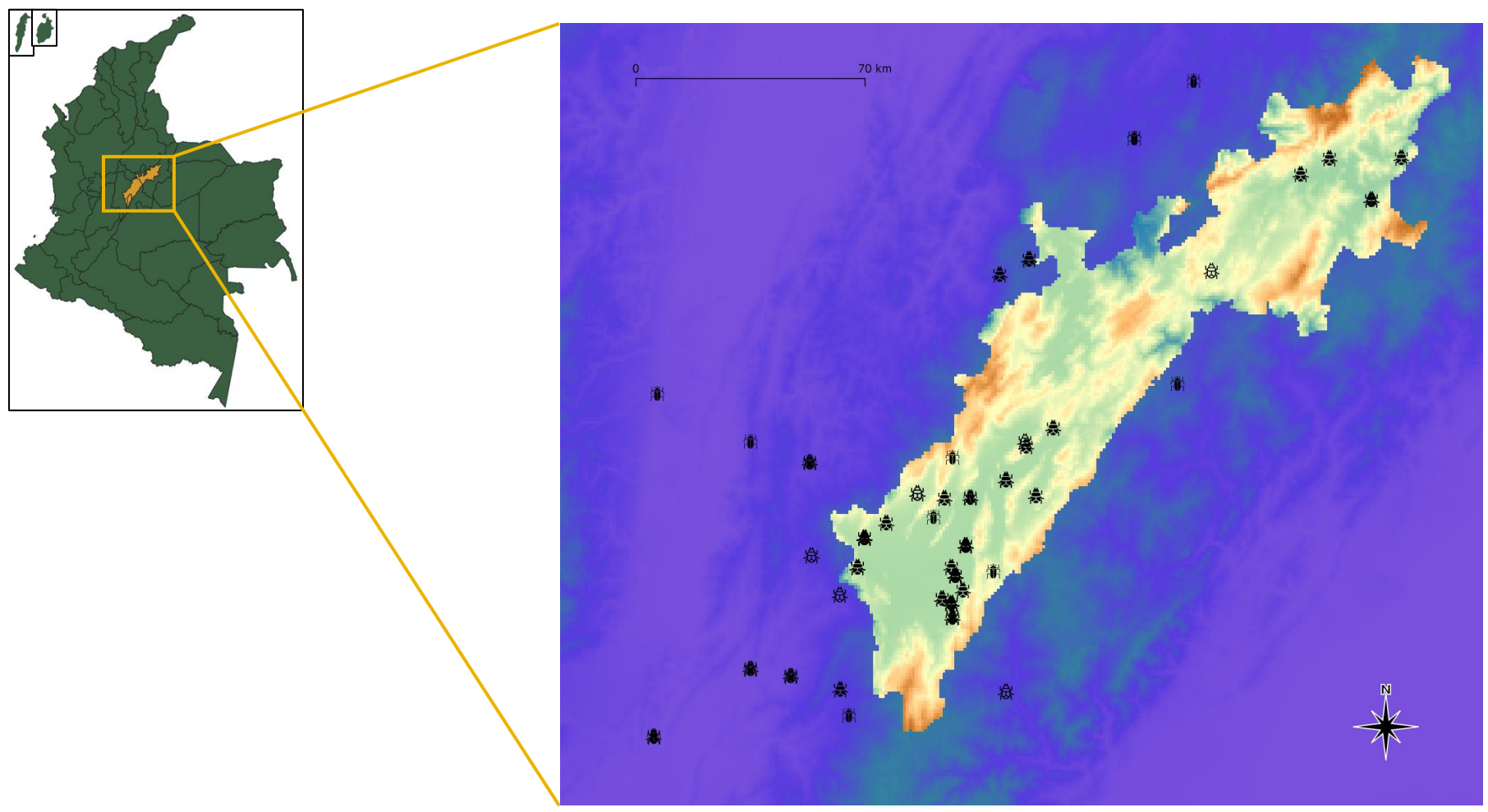


Fig. 2 Map showing distribution of samples collected. Section highlighted in warm colors represent the Altiplano Cundiboyacense

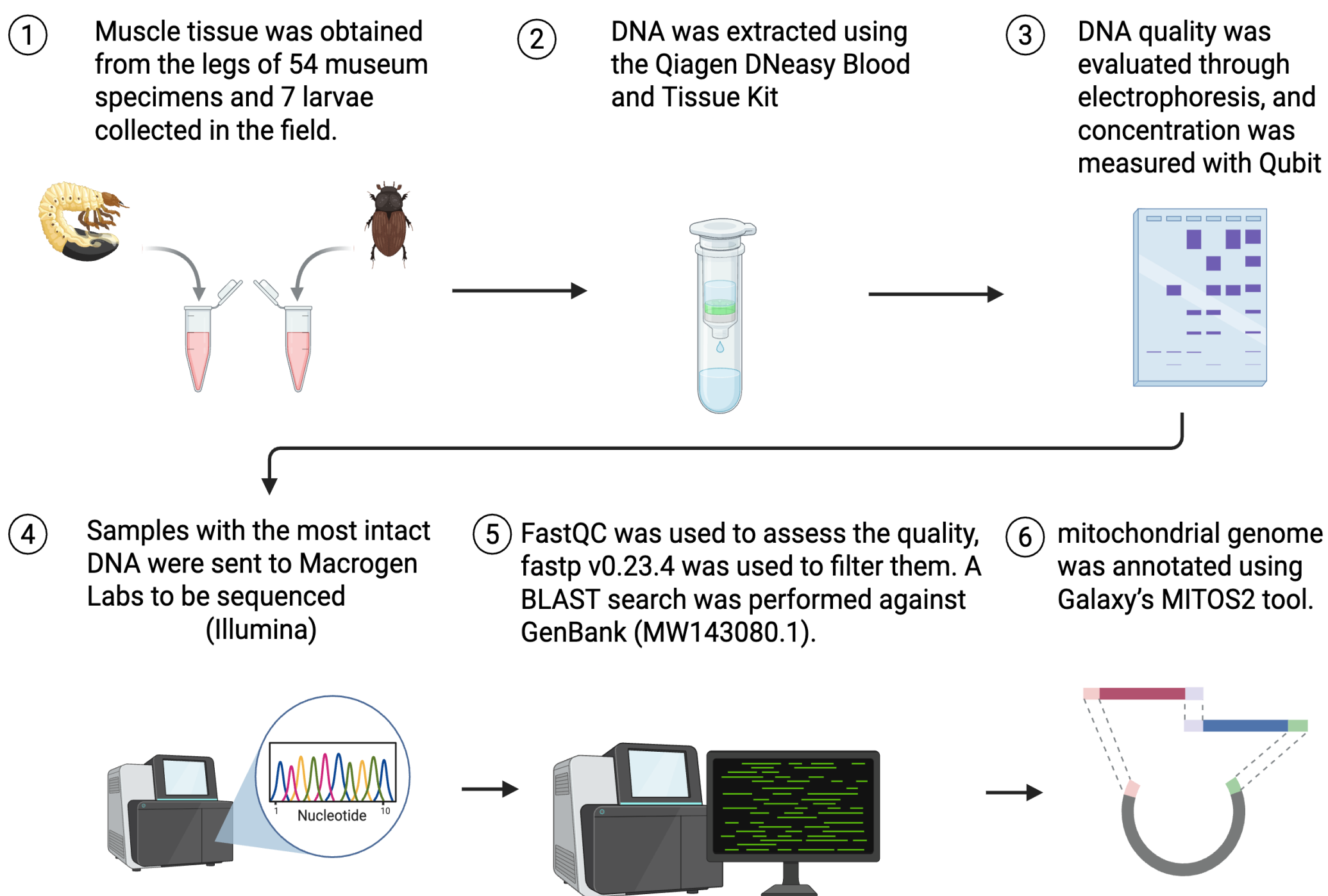


Fig. 3 Diagram showing steps taken to obtain the assembled and annotated mitochondrial genome

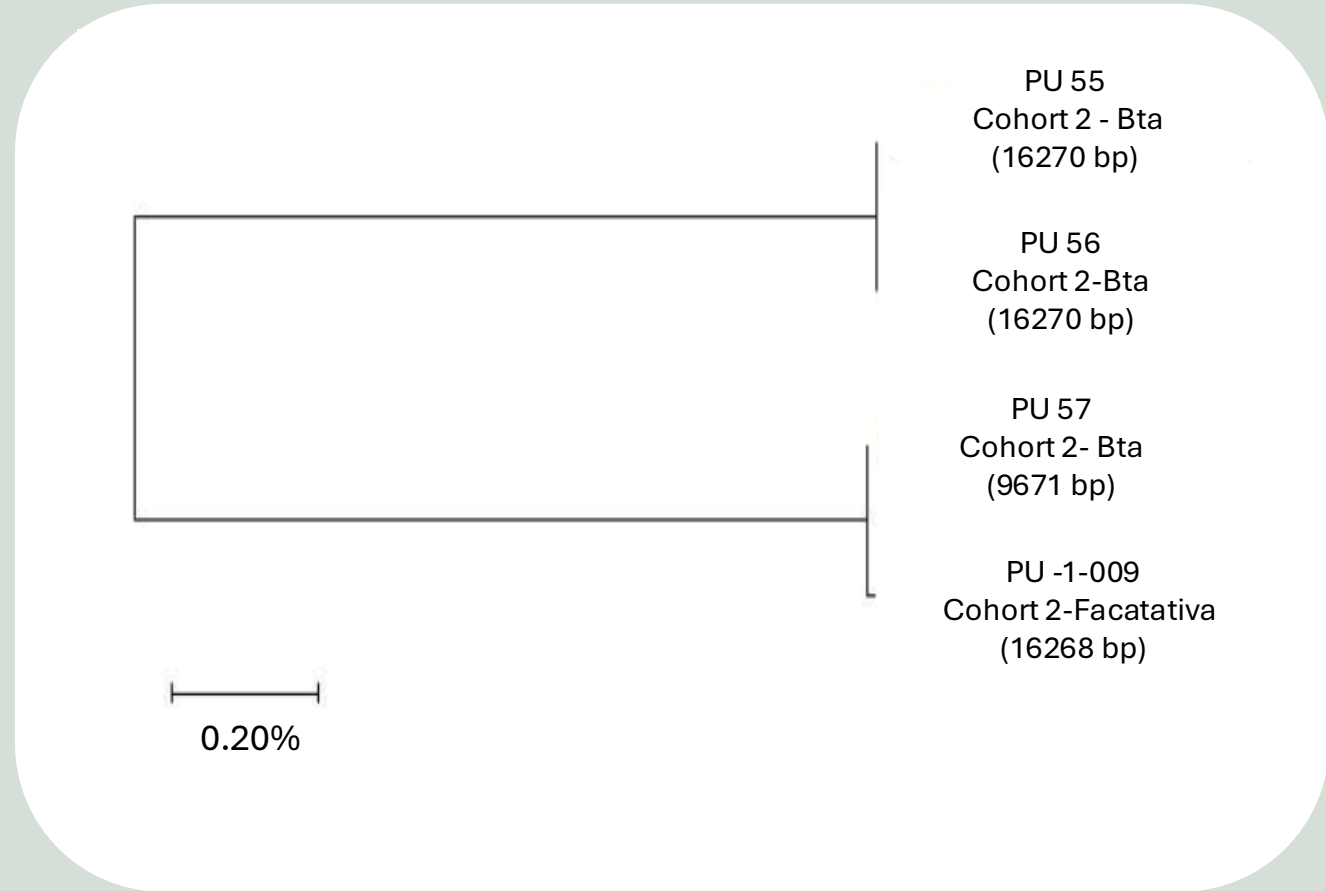


Fig. 5 Maximum likelihood tree created using GTR-1 model

Conclusions

The mitochondrial genome of *P. ursina* was successfully assembled, identifying and mapping all 37 mitochondrial genes. As more sequencing data becomes available, further genetic studies can be done to understand the unusual pattern of the populations of this species.

This work is the first step in the standardization of a workflow to obtain and analyze genetic information from museums, with interest in population genomics. Much work is yet to be done in this field. We aim to keep obtaining and exploring information from these specimens to reconstruct the population history, portions of the nuclear genome, and complete the mitochondrial genome with the D-loop fragment that we are missing so far.

Cited literature



Versión en español

More information



PRIMER GENOMA MITOCONDRIAL COMPLETO DE *Paulosawaya ursina*



Jose Guzman¹
J.guzmana@uniandes.edu.co
Pasante

Andrew J. Crawford¹
aj.crawford244@uniandes.edu.co
Profesor

Maily González²
magonzalez@humboldt.org.co
Asesor

Vladimir Sandoval²
jsandoval@humboldt.org.co
asesor



¹Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de Los Andes, ² Instituto de investigación de recursos biológicos Alexander von Humboldt

Antecedentes

Paulosawaya ursina (Blanchard, 1850) (Coleoptera: Scarabaeidae: Melolonthinae: Macrodactylini), comúnmente conocida como escarabajo de mayo, es una especie de escarabajo endémica del Altiplano Cundiboyacense, un altiplano de la Cordillera Oriental de los Andes colombianos. Posee una gran importancia agronómica, ya que sus larvas se alimentan de pastos, flores, hortalizas y cultivos de papa de la región. A diferencia de otras especies de este género, *P. ursina* se reproduce dos veces al año, lo que la convierte en un raro ejemplo de reproducción asincrónica en poblaciones simpátricas, un fenómeno poco estudiado.

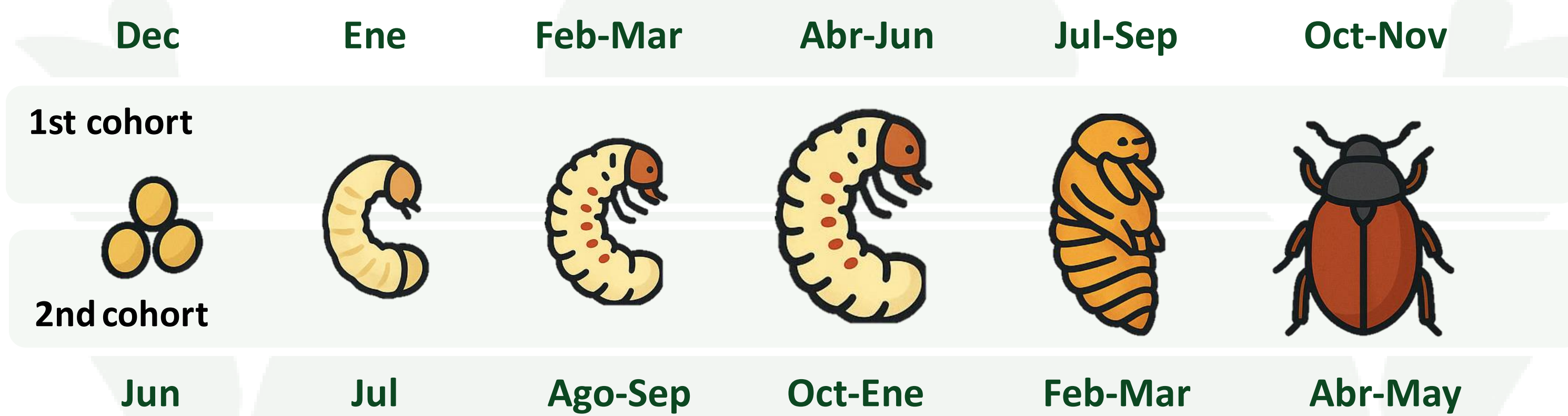


Fig. 1 Diagrama que muestra el ciclo de vida de 2 cohortes de *P. ursina*

Los datos genómicos son esenciales para comprender la dinámica ecológica y evolutiva de las especies. Actualmente, no se dispone de información genómica de *P. ursina*. Dentro de la familia Scarabaeidae, se han anotado 62 genomas, de los cuales solo 13 están a nivel cromosómico. Además, se han depositado 31 genomas mitocondriales en GenBank, siendo el más cercano a *P. ursina* el de *Polyphylla gracilicornis*.

Este trabajo es un estudio piloto de una iniciativa museómica cuyo objetivo es mejorar estrategias para la recuperación de datos genéticos de especímenes de museos, para destacar el potencial sin explotar de las colecciones biológicas y avanzar en la investigación científica en campos como la genómica.

Resultados y discusión

Se seleccionaron cuatro muestras para secuenciación según la integridad del ADN extraído y su concentración. El número de integridad (DIN) de las muestras, reportado por MacroGen, fue de 5,9, 4,2, 3,9 y 2,7.

Todas las muestras obtuvieron valores Q >30. Tras el ensamblaje de las secuencias, se obtuvo un promedio de 651 198 contigs de cada muestra. Para cada muestra, se seleccionaron contigs de ~16 kbp como candidatos para el genoma mitocondrial.

Los 37 genes mitocondriales esperados se anotaron correctamente, como se muestra en la figura 4.

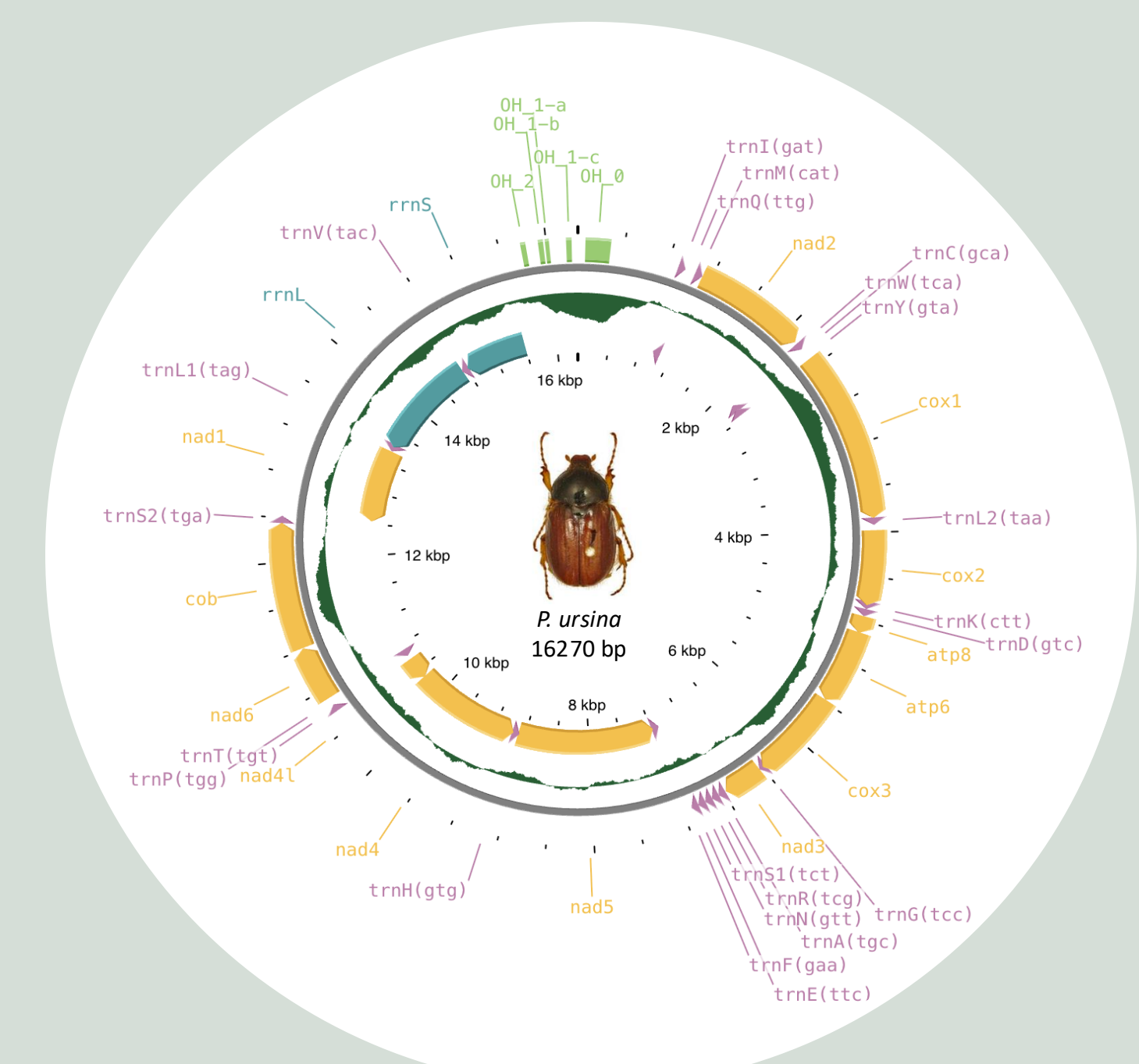


Fig. 4 Ideograma que muestra los genes anotados para el genoma mitocondrial del espécimen de *Paulosawaya ursina* identificado con el código PU55

Los resultados obtenidos con nuestro enfoque son, con creces, mejores de lo esperado, ya que trabajar con especímenes de museo se ha descrito como difícil. Estos resultados podrían deberse a la edad de los especímenes (menos de 3 años) y a los métodos conocidos de sacrificio y conservación (congelación y fijación con alfileres sin productos químicos ni altas temperaturas).

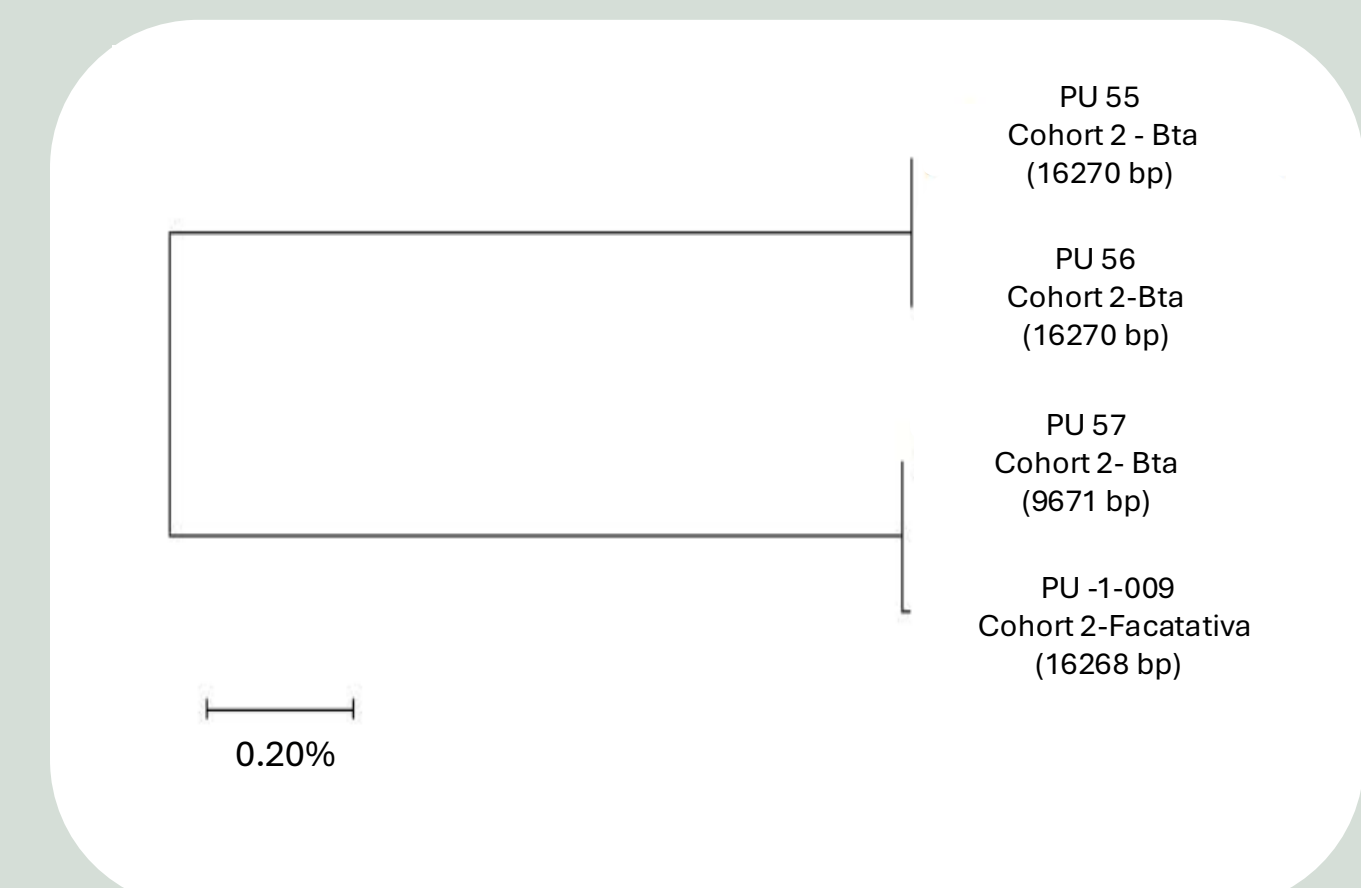


Fig. 5 Árbol de máxima verosimilitud creado con el modelo GTR-1

Materiales y métodos

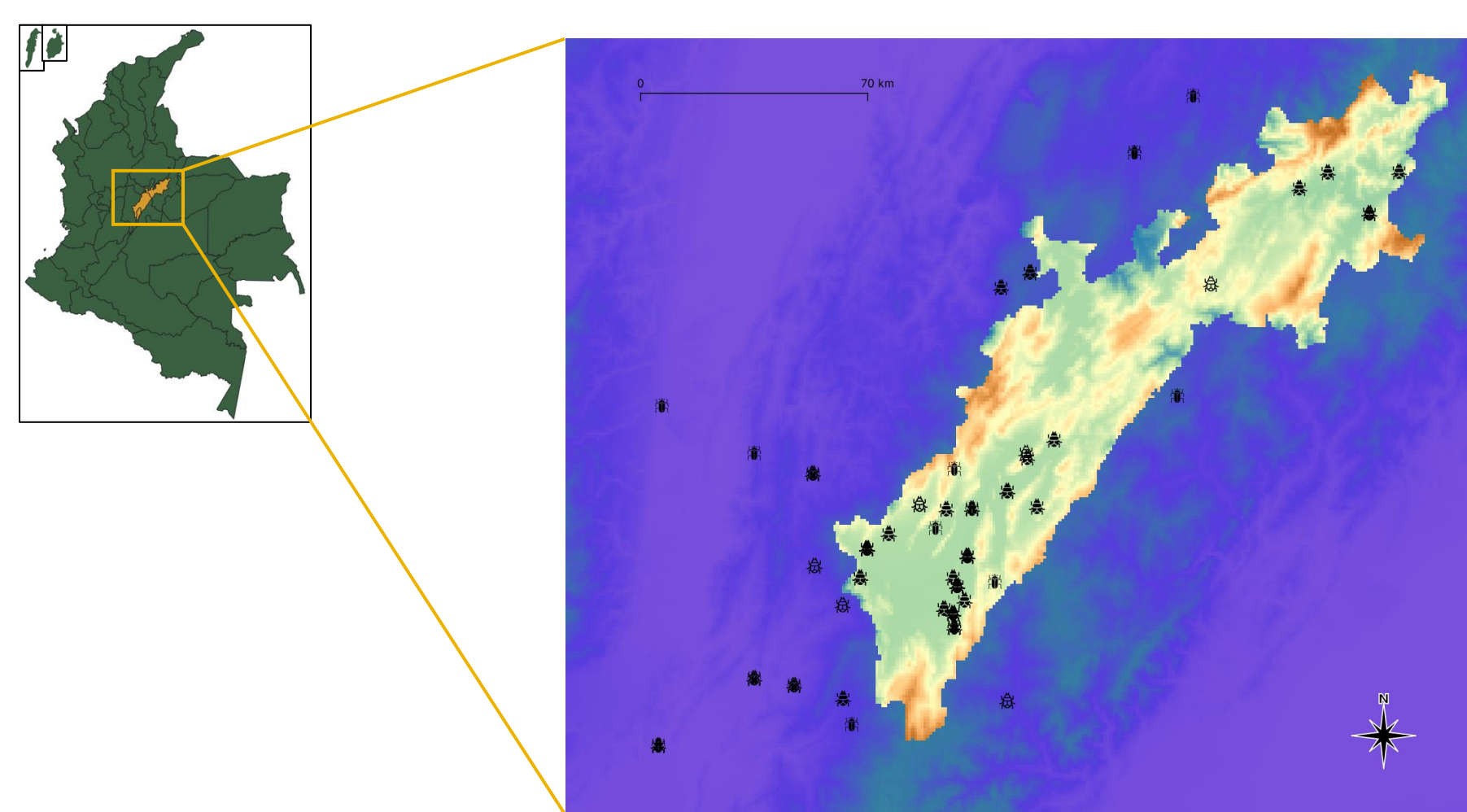


Fig. 2 Mapa que muestra la distribución de las muestras recolectadas. La sección resaltada en colores cálidos representa el Altiplano Cundiboyacense.

Métodos

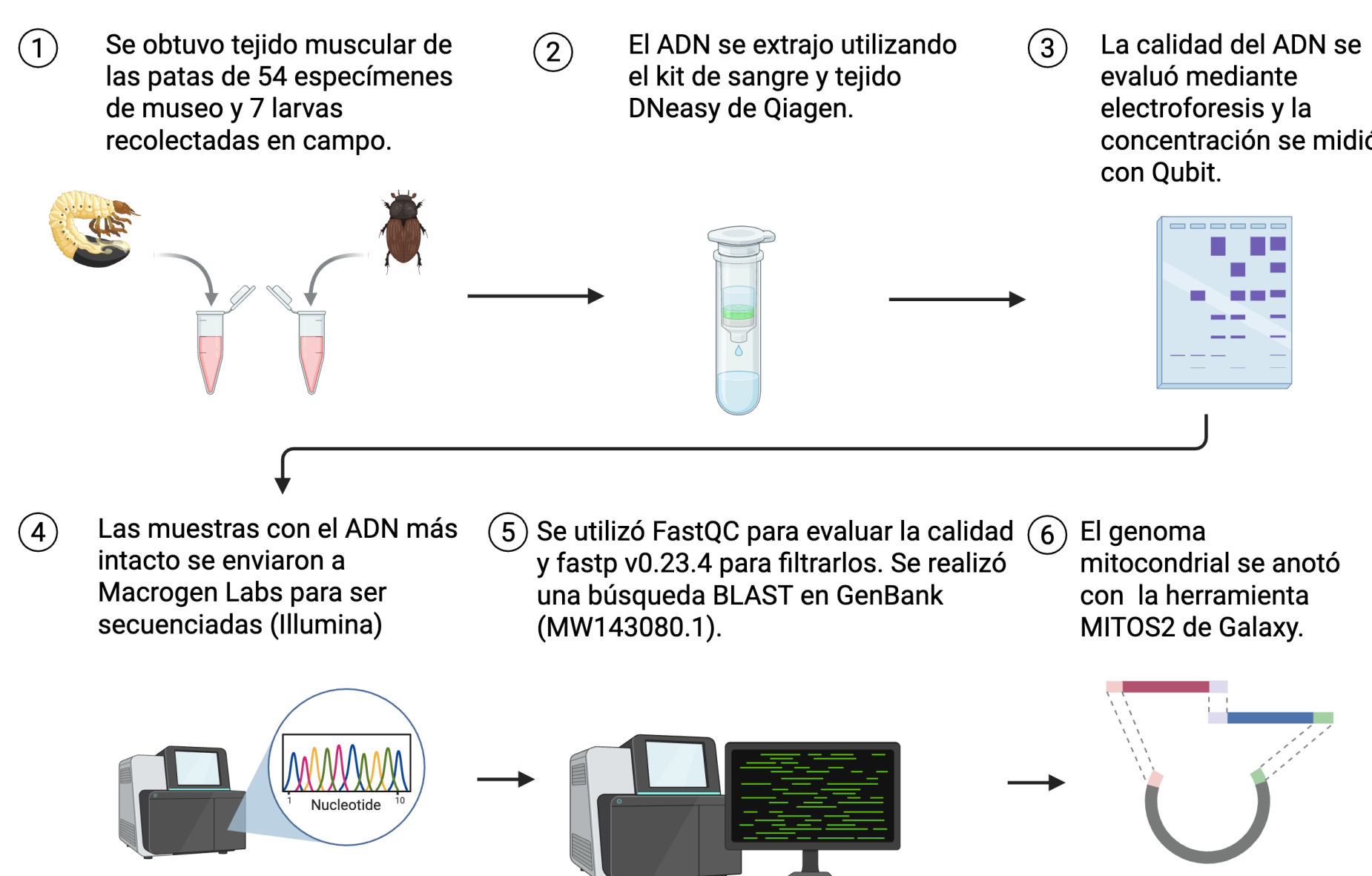


Fig. 3 Diagrama que muestra los pasos seguidos para obtener el genoma mitocondrial ensamblado y anotado.

Conclusiones

El genoma mitocondrial de *P. ursina* se ensambló con éxito, identificándose y mapeando los 37 genes mitocondriales. A medida que se disponga de más datos de secuenciación, se podrán realizar más estudios genéticos para comprender el patrón inusual de las poblaciones de esta especie. Este trabajo es el primer paso en la estandarización de un flujo de trabajo para obtener y analizar información genética de museos, con interés en la genómica de poblaciones. Aún queda mucho trabajo por hacer en este campo. Nuestro objetivo es seguir obteniendo y explorando información de estos especímenes para reconstruir la historia poblacional, porciones del genoma nuclear y completar el genoma mitocondrial con el fragmento D-Loop que nos falta hasta el momento.

Literatura citada



Más información

