© Entomologische Nachrichten und Berichte;

A. HILLE, Bonn/Leipzig & Th. KEIL, Dresden

Eine neue Zygaene aus dem Iran - *Zygaena naumanni* n. sp. (Lep., Zygaenidae)*

Zusammenfassung Die neue Art *Zygaena* (*Agrumenia*) *naumanni* n. sp. aus dem Iran wird beschrieben und mit verwandten Arten verglichen.

Summary ***Zygaena naumanni* n. sp. A new Burnet moth from Iran (Lep., Zygaenidae).** The new species *Zygaena naumanni* n. sp. from Iran is described and compared with related species.

***Zygaena naumanni* n. sp.**

Holotypus ♂: Iran, Prov. Esfahan, 20 km NW Damaneh, Kuh Derre-Bid, Godar Chonsar 2.660 m, 7.6.1999 leg. HILLE/KEIL (Coll. THOMAS KEIL/Dresden, Gen.-Präp. A 357)

Paratypen 3♀: gleiche Daten wie Holotypus (2 Paratypen coll. C. M. NAUMANN/Bonn, 1 Paratypus coll. THOMAS KEIL/Dresden)

Locus typicus (Abb. 1): Iran, Prov. Esfahan, 20 km NW Damaneh, Kuh Derre-Bid, Godar Chonsar 2.660 m, 7.6.1999

Der Holotypus wird zu gegebener Zeit einem Museum zur Verfügung gestellt.

Die neue Art ist unserem Lehrer und Freund Prof. Dr. CLAS M. NAUMANN (Bonn) in Anerkennung seiner Verdienste um die Kenntnis der Arten der Familie Zygaenidae gewidmet.

Diagnose (Holotypus ♂, Abb. 2, Abb. 3 oben):

Bei dem vorliegenden Tier handelt es sich um eine Zygaenenart mittlerer Größe. Vorderflügellänge 11 mm. Auf der Oberseite der Vorderflügel findet sich die für die Arten der Untergattung *Agrumenia* typische Fleckzeichnung bei guter Ausprägung aller Flecken wieder. Die einheitlich weiß begrenzten Flecken sind rot gefärbt und teilweise miteinander verbunden. Die Flecken 1 und 2 sind vollständig miteinander verschmolzen und distal durch eine weißliche, gerade, parallel zur Körperachse verlaufende Linie von der schwarzen Grundfärbung des Vorderflügels abgegrenzt. Die Anordnung der Flecken 3 und 4 ist dergestalt, daß sie sich unmittelbar an ihren weißlichen Begrenzungen miteinander berühren. Der Fleck 4 weist eine rhombische Gestalt auf und zieht mit seiner distalen Spitze zum hinteren Vorderflügelrand. Der halbmondförmige Fleck 6 ist mit Fleck 5 vollständig verbunden, beide besitzen ebenfalls eine weißliche Umgrenzung.

Hinterflügellänge 7 mm. Die Hinterflügel sind einheitlich rot mit schwarzer Begrenzung gefärbt. Der auffallend tiefschwarz gefärbte Körper weist eine auf zwei Segmente begrenzte, scharf abgesetzte Zingulierung des Hinterleibes auf. Der Hinterleibsring ist im Vergleich zur allgemeinen Flügelfärbung von einer eindeutig auffälligeren, dunkleren Rotfärbung gekennzeichnet und umschließt den gesamten Hinterleib. Die Art hat einen weißlichen Halsring und ebenso gefärbte Beine. Die Antennen sind schwarz gefärbt und zeigen andeutungsweise eine weißliche Spitze.

Genitale ♂:

Uncus-Tegumen-Komplex: schmale Uncus-Fortsätze nach distal hin verjüngend und divergierend

Lamina dorsalis: 4 Hauptdornen gleicher Länge, tiefer stehende, parallel angeordnete Sekundärdornen zur Basis hin kleiner werdend

Lamina ventralis: zart, schwach ausgebildet, ohne Dornenbildungen

Cornuti der Vesica: Dornenfelder fast gleich groß mit großen Dornen, auf einer Seite in etwas gebogener Form angeordnet

*Herrn Prof. Dr. B. KLAUSNITZER zum 60. Geburtstag gewidmet.

chte; download unter www.biologiezentrum.at

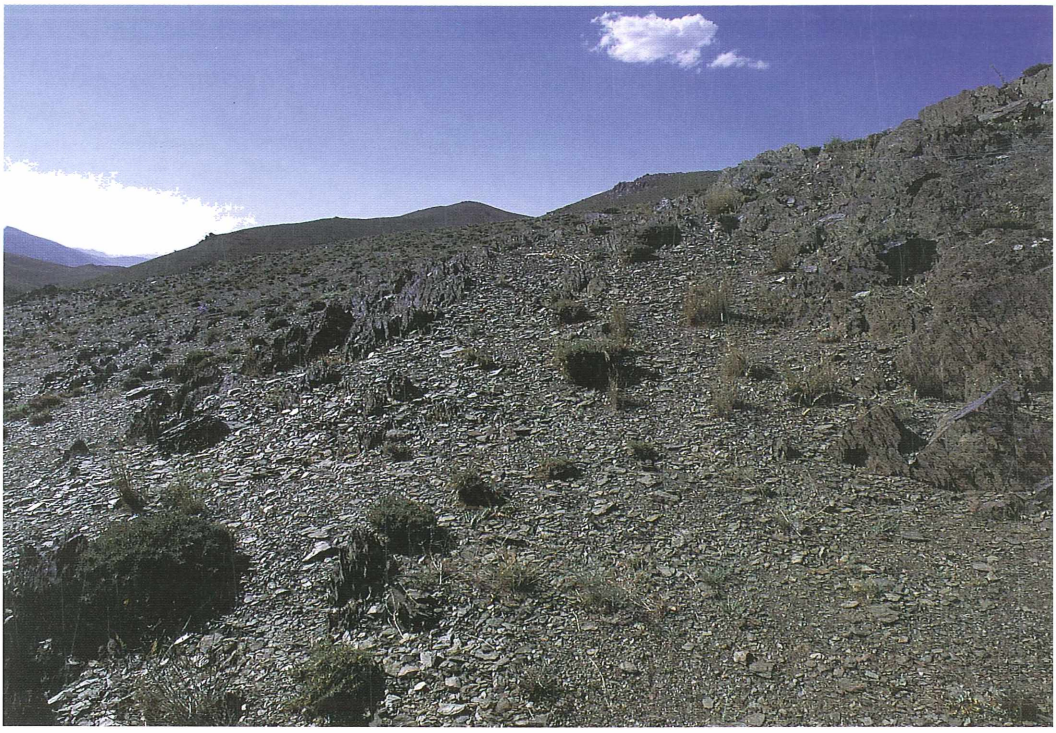

Abb. 1: Typenfundort von *Zygaena naumanni* n. sp.
Iran, Esfahan, Godar Chonsar 2.660 m.

Diagnose (Paratypus ♀, Abb. 3 unten):

Habitus etwas größer als beim Holotypus. Vorderflügellänge 13 mm.
Hinterflügellänge 8,5 mm. Gleiche Zeichnungs- und Färbungselemente
wie beim Holotypus. Eine Genitaluntersuchung wurde nicht durchgeführt.

Erste Stadien:

Weißlicher, kahnförmiger Kokon teilweise an Pflanzenteilen oder am Gestein angeheftet (Abb.4). Ei und Raupe unbekannt.

Molekulargenetische Untersuchungen:

Ein Paratypus von *Zygaena naumanni* n. sp. wurde zusammen mit weiteren Exemplaren iranischer und mittelasiatischer *Agrumenia*-Verwandter molekulargenetisch untersucht (s. Tab.1, Abb. 6 Sequenziernr. S02-S23, 1414L14841, KL2for). Zu diesem Zweck wurde nach einer modifizierten DTAB/Phenol-Chloroform-Methode (GUSTINCICH et al. 1991) genomische DNA extrahiert und ein 356 Basen langes Teilstück des mitochondrialen Cytochrom-b Gens mit den Insekten-Primern CB-J-10612 und CB-N-10920 (SIMON et al. 1994) mit Hilfe der Polymerasekettenreaktion (PCR: SAIKI et al. 1985) vervielfältigt. Die durchschnittlich verwertbare Leselänge für die untersuchten Tiere betrug 273 Basen, entsprechend 91 Aminosäuren.

Das PCR-Produkt des untersuchten Paratypus wurde im Unterschied zur direkten Sequenzierung (SANGER et al. 1977) der PCR-Fragmente der Vergleichstiere in den pUC18Sma/BAP-Vektor mit Hilfe des pGEM-T Vector System I-Kit (Promega) kloniert. Die erhaltene rekombinante Plasmid-DNA wurde mit dem Thermo Sequenase flourescent labelled primer cycle sequencing kit with 7-deaza-dGTP (Amersham) sequenziert. Beide Stränge jedes zuvor klonierten Fragmentes wurden vollständig sequenziert mit den Universalprimern M13 Universal CS und M13 Reverse CS (beide MWG-Biotech). Die Sequenzierreaktionen aller Tiere wurden auf dem automatischen Sequenzierer LiCor DNA Sequencer 4000/ (MWG-Biotech) ausgewertet.

© Entomologische Nachrichten und Berichte;

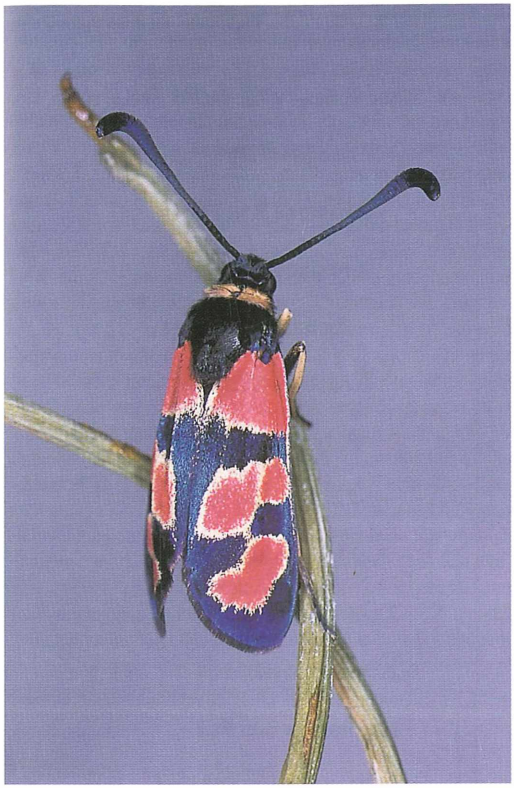

Abb. 2: *Zygaena naumanni* n. sp. ♂

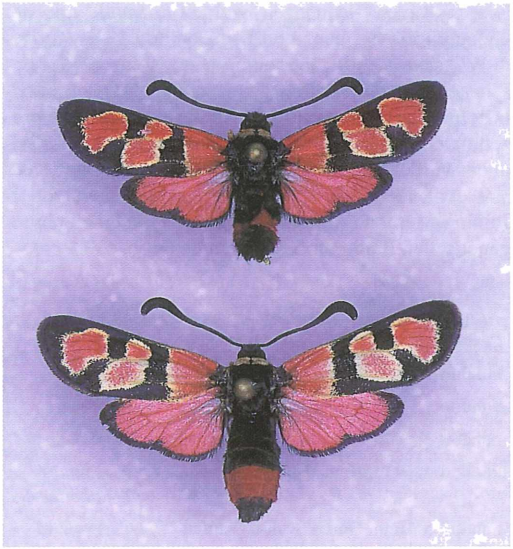

Abb. 3: *Zygaena naumanni* n. sp. (oben ♂, unten ♀).

Abb. 4: Puppe von *Zygaena naumanni* n. sp. am Schiefergestein angeheftet.

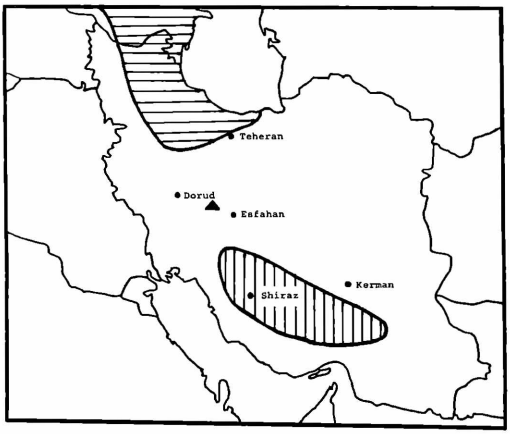

Abb. 5: Verbreitungskarte *Zygaena naumanni* n. sp. (▲): nördlich: *Zygaena haberhaueri* LEDERER, 1870
südlich: *Zygaena chirazica* REISS, 1938

 chte; download unter www.biologiezentrum.at

Die multiplen Sequenzen wurden manuell mit der Cytochrom-b Sequenz von Drosophila yakuba (CLARY & WOLSTENHOLME 1985) aliniert, zur Kontrolle des Leserasters in Aminosäuren übersetzt und als Datengrundlage für eine phylogenetische Analyse genutzt. Die prozentualen Nukleotidunterschiede zwischen den Individuen wurden in einer Distanzmatrix gespeichert (KUMAR et al. 1993), die unter Zuhilfenahme der Neighbor-Joining-Methode (SAITOU & NEI 1987) in einen phylogenetischen Baum umgesetzt wurde (Abb. 6).

Tabelle 1:

Fundort 1:	Iran, Kuh-e Dinar, Barm-Firuz	*Z. chirazica*
Fundort 2:	Iran, Kuh-e Dinar, Meymand	*Z. chirazica*
Fundort 3:	Iran, Damaneh, Godar Chonsar	*Z. naumanni*
Fundort 4:	Iran, Hamedan, Razan	*Z. rosinae* / *Z. haberhaueri*
Fundort 5:	Iran, Dorud, Kuh-e Osturan	*Z. escalerai*
Fundort 6:	Usbekistan, Serafschan, Amankutan	*Z. cocandica*
Fundort 7:	Usbekistan, Tschimgan	*Z. sogdiana*
Fundort 8:	Deutschland, Westfalen	*Z. carniolica*

Differentialdiagnose / Taxonomische Einordnung:

Bei den vorliegenden Tieren handelt es sich zweifelsfrei um eine neue, bisher unbekannte Art. Sie unterscheidet sich in einigen Merkmalen von ihren nahe verwandten Arten, wobei eine nächste morphologische Verwandtschaft zu *Zygaena chirazica* REISS, 1938 auffällt. Allerdings lassen sich alle bisher bekannten Populationen von *Zygaena chirazica* REISS, 1938 eindeutig dieser Art zuordnen. Einige Zeichnungselemente von *Zygaena naumanni* n. sp. ermöglichen eine genaue Abgrenzung zu den Populationen von *Zygaena chirazica* REISS, 1938 (distale Begrenzung von Fleck 1 und 2, Färbung des Halsringes sowie die Färbung des Körpers und des Hinterleibsringes). Von *Zygaena haberhaueri* LEDERER, 1870, deren Kokon in der Regel eine grünliche Färbung aufweist, unterscheidet sie sich durch die weißliche Färbung des Kokons. Vom genetischen Standpunkt aus betrachtet verhält es sich bei *Zygaena naumanni* n. sp. um ein Taxon, das als die nächste Verwandte von *Zygaena chirazica* REISS, 1938 zu betrachten ist. Zur Festlegung des taxonomischen Ranges haben wir die mittleren prozentualen Nukleotidunterschiede zwischen anerkannten Artenpaaren zugrunde gelegt. Betrachtet man zunächst die genetische Differenzierung innerhalb bzw. zwischen konspezifischen Populationen der Arten *Zygaena chirazica*, *rosinae*, *haberhaueri* und *sogdiana*, von denen jeweils mehr als ein Individuum sequenziert wurde, so schwanken die Se-

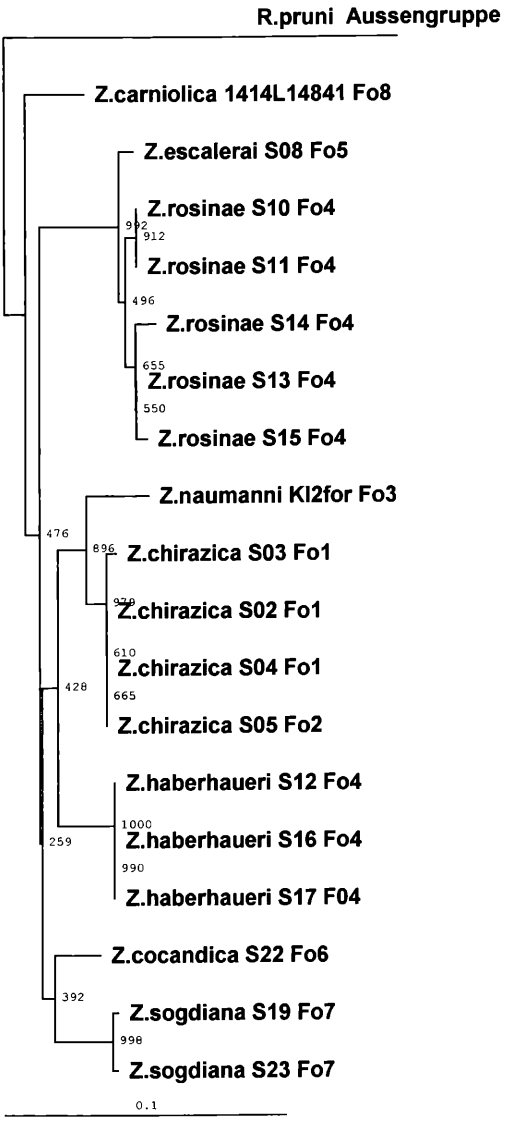

Abb. 6: Neighbor-Joining-Baum mit exakten Astlängen (10-%-Skala des durchschnittlichen Nukleotidabstandes) und Bootstrap-Werten (1000 Randomisierungen) an den Verzweigungsknoten zur Angabe der Stützung des Baumes durch die Daten. Als Außengruppenvertreter dient das Grünwidderchen Rhagades pruni (DENIS & SCHIFFERMÜLLER), 1775, durch dessen Position der Baum gewurzelt wird.

quenzunterschiede in folgenden Bereichen (Sequenzdaten und Distanzmatrix nicht aufgeführt, letztere dem Output der Analyse mit MEGA entnommen): Individuen von *Zygaena chirazica* REISS, 1938 unterscheiden sich nicht bzw. können bis zu 0.37% Sequenzunterschiede aufweisen. Die individuelle Variation von *Zy-*

© Entomologische Nachrichten und Berichte;

gaena rosinae KORB, 1903 schwankt zwischen Null und 1,47%, die Stichprobe der untersuchten *Zygaena haberhaueri* LEDERER, 1870 ergab keine Unterschiede. Die beiden Individuen von *Zygaena sogdiana* ERSCHOFF, 1874 unterschieden sich um 0,37%. Im interspezifischen Vergleich unterscheidet sich *Zygaena naumanni* n. sp. gegenüber allen untersuchten *Zygaena chirazica* REISS, 1938 zwischen 2.93 und 3.3%, die genetische Distanz fällt also um eine Größenordnung deutlicher aus. Das Artenpaar *Zygaena escalerai* POUJADE, 1900 und *Zygaena rosinae* KORB, 1903 unterscheidet sich im Durchschnitt zwischen 0.73 und 1.47%, immerhin deutlich geringer als *Zygaena naumanni* n. sp. und *Zygaena chirazica* REISS, 1938. Es gibt allerdings auch weit höhere genetische Abstände in dieser Verwandtschaftsgruppe. So beträgt die Nukleotiddivergenz zwischen den Artenpaaren *Zygaena rosinae* KORB, 1903 / *Zygaena haberhaueri* LEDERER, 1870 im Mittel 6.6%, während die Schwesterarten *Zygaena cocandica* ERSCHOFF, 1874 / *Zygaena sogdiana* ERSCHOFF, 1874 aus Usbekistan nur 3.85% Sequenzunterschiede aufweisen. Entsprechend unseren gegenwärtig vorliegenden Sequenzvergleichen, die erstmals Einblicke in genetische und phylogenetische Beziehungen zwischen Vetretern einer engeren Verwandtschaftsgruppe erlauben, scheint die Einführung des Taxons *Zygaena naumanni* n. sp. auch aus dieser Sicht gerechtfertigt.

Verbreitung / Lebensweise:

Der Fundpunkt von *Zygaena naumanni* n. sp. befindet sich ca. 120 km östlich von Esfahan, inmitten der Verbreitungs- bzw. Nachweislücke der nächstverwandten Arten: ca. 250 km südöstlich der südlichen Verbreitungsgrenze von *Zygaena haberhaueri* LEDERER, 1870 und ebenfalls ca. 250 km nordwestlich der nördlichen Verbreitungsgrenze von *Zygaena chirazica* REISS, 1938 (Abb. 5). Der Lebensraum stellt einen nach Westen leicht geneigten Hang mit teilweise senkrecht aufragendem Schiefergestein am Godar-Chonsar-Paß in einer Höhe von 2.660 m dar. Zum Fundzeitpunkt konnten nur zwei Imagines angetroffen werden, so daß sich die Hauptflugzeit dieser Art auf die letzten Juniwochen erstrecken wird. Allerdings wurden viele am Gestein angeheftete Puppen aufgefunden, die mehrheitlich parasitiert waren (Chalcididae, Braconidae, Tachinidae). Die Art fliegt dort zusammen mit *Zygaena manlia* LEDERER, 1870, *Zygaena tamara* CHRISTOPH, 1889 und *Zygaena cambysea* LEDERER, 1870.

Danksagungen:

Wir bedanken uns bei der Arbeitsgruppe Spezielle Zoologie der Universität Leipzig für die vielseitige und hilfreiche Unterstützung bei der Umsetzung der Sequenzierungen. Unser Dank gilt der Deutschen Forschungsgemeinschaft für die finanzielle Unterstützung (Na 90/11-1). Herrn Dr. HANNES RIETZSCH (Dresden) danken wir für sein Verständnis für unsere Untersuchungen im Gelände sowie für seine wertvollen Hinweise und Anregungen.

Literatur

ALBERTI, B. (1958-1959): Über den stammesgeschichtlichen Aufbau der Gattung *Zygaena* F. und ihrer Vorstufen (Insecta, Lepidoptera). - Mitt. zool. Museum Berl. 34: 245-396 (1958); 35: 203-242 (1959).
CLARY, D. O. & D. R. WOLSTENHOLME (1985): The mitochondrial DNA molecule of Drosophila yakuba: Nucleotide sequence, gene organization and genetic code. - J. Mol. Evol. 22: 252-271.
GUSTINCICH, S., MANFIOLETTI, G. DEL SAL, SCHNEIDER, C. & C. CARNINCI (1991): A fast method for high-quality genomic DNA extraction from whole human blood. - BioTechniques 11: 298-302.
HOFMANN, A. & W. G. TREMEWAN (1996): A Systematic Catalogue of the Zygaeninae (Lepidoptera, Zygaenidae). - Harley Books: 251 S.
KUMAR, S., TAMURA, K. & M. NEI (1993): MEGA: molecular evolutionary genetic analysis, version 1.0. Pennsylvania State University, University Park.
NAUMANN, C. M. & W. G. TREMEWAN (1984): Das Biospecies-Konzept in seiner Anwendung auf die Gattung *Zygaena* FABRICIUS, 1775 (Insecta, Lepidoptera, Zygaenidae). - Spixiana 7: 161-193.
NAUMANN, C. M., FEIST, R., RICHTER, G. & U. WEBER (1984): Verbreitungsatlas der Gattung *Zygaena* FABRICIUS, 1775 (Lepidoptera, Zygaenidae). - Thes. zool.5: 1-45, maps 1-97.
PALUMBI, S., MARTIN, A., ROMANO, S., MCMILLAN, W. O., STICE, L. & G. GRABOWSKI (1991): The simple fool's guide to PCR, version 2.0. - Department of Zoology, University of Hawaii, Honolulu.
SAIKI, R. K., SCHARF, S., FALOONA, F., MULLIS, K. B., HORN, G. T., ERLICH, H. A. & N. ARNHEIM (1985): Enzymatic amplification of ß-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. - Science (Washington/DC) 230: 1350-1354.
SAITOU, N. & M. NEI (1987): The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. - Mol. Biol. Evol. 4: 406-425.
SIMON, C., FRATI, F., BECKENBACH, A., CRESPI, B., LIU, H. & P. FLOCK (1994): Evolution, Weighting and Phylogenetic Utility of Mitochondrial Gene Sequences and a Compilation of Conserved Polymerase Chain Reaction Primers. Ann. Entomol. Soc. Am. 87(6): 651-701.
TREMEWAN, W. G. (1988): A Bibliography of the Zygaenidae (Lepidoptera, Zygaenidae). - Harley Books: 188 S.

Anschriften der Verfasser:

Dr. Axel Hille
Zoologisches Forschungsinstitut
und Museum A. Koenig
Adenauerallee 160
D-53113 Bonn und
Universität Leipzig
Fakultät für Biowissenschaften, Pharmazie und Psychologie
Institut für Zoologie - Spezielle Zoologie/Ökologie
Talstr. 33
D-04103 Leipzig

Thomas Keil
Tauernstr. 39
D-01279 Dresden

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Entomologische Nachrichten und Berichte

Jahr/Year: 1999/2000

Band/Volume: 43

Autor(en)/Author(s): Hille Axel, Keil Thomas

Artikel/Article: Eine neue Zygaene aus dem Iran - Zygaena naumanni n. sp. (Lep., Zygaenidae). 249-253