

DNA Barcode Bibliothek der Schmetterlinge Südtirols und Tirols (Italien, Österreich) – Impetus für integrative Artdifferenzierung im 21. Jahrhundert

Abstract

DNA barcode library for Lepidoptera from South Tyrol and Tyrol (Italy, Austria) – Impetus for integrative species discrimination in the 21st Century

The present study presents a DNA barcode library for 2565 Lepidoptera species (70 families) from an alpine transect covering the provinces of South Tyrol (Italy) and Tyrol (Austria). Sequences from the 648bp barcode region of the mitochondrial COI gene were recovered from 9964 specimens and 9443 were fully barcode compliant. Species differ on average from their Nearest Neighbor by a minimum 6.38% while mean intraspecific divergence is only 0.45%.

A successful, unequivocal barcode based identification was determined by comparison with barcode records obtained in other studies, pooled in Barcode Index Numbers (BIN) in BOLD (Barcode of Life Data Systems) for 2442 species, representing 95.2% of the sequenced species with BINs (2565 spp.).

Identical or overlapping barcodes were found in 84 species, with all cases involving closely related or taxonomically uncertain species complexes. Deep intraspecific splits (>3%) were detected in 72 species, with these cases likely due to varied factors including cryptic diversity, introgression and phylogeographic divergence. Finally, the importance of DNA barcoding for advancing understanding of the Tyrolean fauna is revealed through the discovery of 97 new records for the county.

Keywords: Lepidoptera, DNA barcoding, alpine transect, Tyrol, Italy, Austria

Einleitung

Schmetterlinge zählen mit etwa 3200 bekannten Arten in Südtirol und 2700 Arten im Bundesland Tirol zu den artenreichsten Tiergruppen (HUEMER 1996, 2013). Ihre Rolle im Ökosystem als Bestäuber, Zersetzer und Nahrungsquelle ist ebenso unbestritten wie die Bedeutung im Naturschutz mit einer Vielzahl von gefährdeten Arten. In Land- und Forstwirtschaft ist die Insektenordnung aber auch durch zahlreiche gefährliche Schädlinge bekannt, darunter Apfelwickler, Traubenwickler, Schwammspinner, Nonne, Prozessionsspinner u.v.a. Weiteres erreichen Neozoen sowie Arealerweiterer laufend das Arbeitsgebiet, zuletzt die Lindenminiermotte (*Phyllonorycter issikii*) oder der Weinschädling *Antispila oinophylla*. Bestimmungen der Fülle an Arten sind jedoch nur einem überschaubaren Kreis von Experten möglich, ein Defizit, das sich durch den zunehmenden Schwund der Artenkenner zukünftig dramatisch verstärken dürfte (FROBEL & SCHLUMPRECHT 2014). Eine vom Pool verfügbarer Experten unabhängige und trotzdem objektiv abgesicherte Bestimmung ist daher ein Gebot der Stunde.

Adresse der Autoren:

Mag. Dr. Peter Huemer
Tiroler Landesmuseen
Betriebsges.m.b.H.
Naturwissenschaftliche
Sammlungen
Feldstr. 11a
A-6020 Innsbruck,
Österreich
e-mail: p.huemer@tiroler-
landesmuseen.at

Prof. Dr. Paul Hebert
Centre for Biodiversity
Genomics
Biodiversity Institute of
Ontario
University of Guelph
Guelph, ON, N1G 2W1,
Canada
e-mail: phebert@
uoguelph.ca

eingereicht: 14. 01. 2016
angenommen: 07. 03. 2016

In den letzten Jahren haben sich genetische Methoden als eine bedeutende Alternative bzw. Ergänzung zur klassischen morphologischen Determinationsarbeit herauskristallisiert. In umfangreichen Voruntersuchungen erwiesen sich insbesondere kurze genetische Sequenzen einer standardisierten Region des mitochondrialen COI-Genes (Cytochrom C-Oxidase), dem sogenannten DNA Barcode, als hervorragend geeignet für die Unterscheidung eukaryotischer Organismen (HEBERT et al. 2003a, 2003b, 2009). Die Abfolge der Basenpaare wird dabei ähnlich wie bei einem Strichcode auf Produktverpackungen als Kennzeichen für eine Art verwendet (STEINKE & BREDE 2006) und weist typischerweise gegenüber allen anderen Arten Unterschiede auf. Initiiert durch die zukunftsweisende Arbeit von HEBERT et al. (2003a) und einem nachfolgenden teils kontrovers und emotional geführten intensiven Diskurs (MORITZ & CICERO 2004, RUBINOFF et al. 2006, WILL et al. 2005), revolutioniert das DNA-Barcoding den Wissenschaftszweig der Taxonomie wie noch keine Neuerung seit der Einführung der binären Nomenklatur durch Linnaeus vor mehr als 250 Jahren. Als standardisierte, reproduzierbare und kostengünstige Alternative zur Determination von unterschiedlichsten Organismen zählt die Methode zunehmend zum Fixrepertoire zeitgemäßer taxonomischer Bearbeitungen. Die Vorteile des DNA-Barcodings liegen auf der Hand und sind weitreichend. So kann z. B. der Land- oder Forstwirt zukünftig rasch eine schädliche Larve bestimmen lassen, der Lebensmitteltechniker die Zusammensetzung von fragwürdigen Fleischprodukten analysieren oder der Naturschützer das Vorkommen einer geschützten, aber schwer erkennbaren Art belegen, und das *a priori* ohne über das sonst nötige Expertenwissen zu verfügen. Aber auch die Artenexperten selber profitieren. So wird beispielsweise die korrekte Zuordnung von unterschiedlichen Entwicklungsstadien und Geschlechtern zu einer bestimmten Art möglich, oder das Aufspüren bisher unbekannter kryptischer Arten. Gerade für Artneubeschreibungen sind genetische Sequenzen daher ein zunehmend wichtiger Standard. Darüber hinaus dienen sie aber auch der unabhängigen Qualitätssicherung bei faunistischen Studien sowie der Kontrolle möglicher klimatisch oder anthropogen bedingter Veränderungen des Artenbestandes wie z.B. der Einführung von Neobiota (HUEMER & HEBERT 2015). Es überrascht daher nicht, dass die Idee einer primär genetisch motivierten Artbestimmung rasch global Einzug gehalten hat. Ausgehend von Nordamerika wurden auch in Europa bereits etliche nationale Initiativen zur genetischen Erfassung der Artenvielfalt gestartet, so beispielsweise in Deutschland, Norwegen und Finnland, der Schweiz oder zuletzt auch in Österreich. Schmetterlinge zählten von Anfang an zu den Modellobjekten des DNA-Barcodings und inzwischen existieren bereits von mehr als 84.000 Arten fast eine Million Sequenzen (<http://www.lepbarcoding.org/>). Eine Vielzahl an Publikationen belegt die Praxistauglichkeit des Bestimmungsverfahrens für diese Insektenordnung auch aus den Nachbarregionen des Untersuchungsraumes (HAUSMANN et al. 2011a, 2011b, HUEMER & HEBERT 2015). Das hier vorgestellte Programm rückt erstmals den Alpenraum in den Fokus überregionaler europäischer Barcode-Initiativen. Es handelt sich dabei um das erste länderübergreifende Projekt in den Alpen, das sich mit einer megadiversen Organismengruppe befasst. Durch die Erhebung der genetischen Vielfalt der Schmetterlinge in der autonomen Provinz Bozen-Südtirol (Italien) sowie dem angrenzenden Bundesland Tirol (Österreich) wird somit ein wichtiger Beitrag zur Dokumentation der Biodiversität des zentralalpinen Raumes geleistet. Als Hauptziel wurde der Aufbau einer möglichst umfassenden Barcode-Bibliothek als Grundlage für zukünftige genetische Bestimmungen angestrebt. Durch vergleichende Erhebung repräsentativer Proben südlich und nördlich des Alpenhauptkammes wurde aber auch erstmals eine systematische Kontrolle möglicher kryptischer und somit bisher unbekannter Arten angestrebt, eine detaillierte Auswertung zu dieser Thematik ist in Vorbereitung.

Material und Methodik

Untersuchungsraum

Das Untersuchungsgebiet umfasst die Autonome Provinz Bozen Südtirol (Italien) sowie das Bundesland Tirol (Österreich). Ziel der Felderhebungen war die Aufsammlung von jeweils zwei für die geplanten Sequenzierungen geeigneten Belegexemplaren/Art aus der Region nördlich bzw. südlich des Alpenhauptkammes, somit aus Südtirol und dem Bezirk Osttirol im Süden und aus Nordtirol im Norden. Zur Erreichung einer hohen Abdeckungsbreite des Artenbestandes wurden Lebensräume in fast allen Teilgebieten des Untersuchungsraumes punktuell in etwa 300 Einzelerhebungen mit unterschiedlichster Methodik beprobt (Abb. 1).

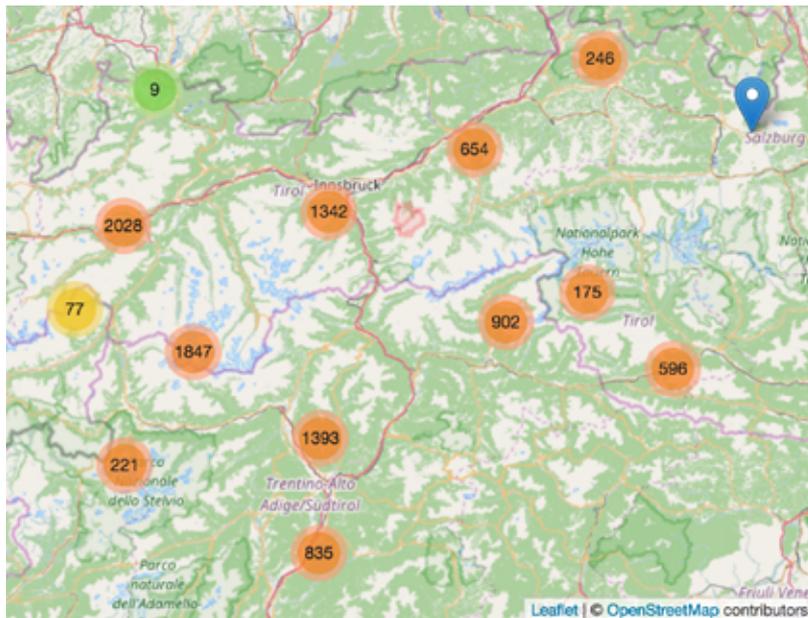


Abb. 1: Untersuchungsraum mit Anzahl der sequenzierten Proben in verschiedenen Teilregionen (Graphik BOLD)

Probenauswahl

Die genetischen Untersuchungen basieren überwiegend auf im Rahmen des Forschungsprojektes sowie in geringem Umfang in früheren Programmen (HUEMER & HEBERT 2012) aufgesammelten rezenten Proben von Schmetterlingen. Bereits existierendes älteres Sammlungsmaterial des Naturmuseum Südtirol, der Naturwissenschaftlichen Abteilung der Tiroler Landesmuseen sowie weiterer öffentlicher und privater Sammlungen wurde hingegen auf Grund des Risikos degradierter DNA, insbesondere durch Feuchtigkeitseinwirkung (Aufweichen zu Präparationszwecken u.ä.) verursacht, nur für eine limitierte Zahl von eher selten nachgewiesenen Arten bzw. aus zu ergänzenden Regionen verwendet.

Um den Erfordernissen späterer molekularer Untersuchungen gerecht zu werden, wurden die Proben umgehend genadelt und getrocknet und nur in Ausnahmefällen auch klassisch präpariert. Die Artbestimmungen erfolgten zuerst provisorisch während der Felderhebungen bzw. im Labor und basierten zunächst ausschließlich auf phänotypischen Kriterien. Kritische Taxa wurden daher vielfach nur auf Gattungsniveau vorbestimmt und erst nach genetischer Zuordnung mittels bereits vorhandener europäischer Barcode-Bibliotheken auch morphologisch auf Artniveau kontrolliert und in zweifelhaften Fällen auch genitalmorphologisch geprüft. Für alle Taxa liegen somit sowohl morphologische als auch genetische Determinationsgrundlagen vor.

Weitere Arbeitsschritte umfassten die Georeferenzierung und damit einhergehend die Etikettierung und Digitalisierung der Belegtiere im Programm Biooffice sowie nach finaler Probenauswahl eine photographische Dokumentation. Insgesamt wurden

ca. 10.000 Proben nach diesen Vorgaben für die DNA-Analysen vorbereitet. Schließlich wurden die Gewebeproben (Bein- oder Teil eines Beines) in standardisierten Platten á 95 Proben verpackt und an das Canadian Center for DNA Barcoding (CCDB, University of Guelph, Ontario, Kanada) versendet.

Die den Barcodes zugrundeliegenden Original Exemplare werden größtenteils in den naturwissenschaftlichen Sammlungen der Tiroler Landesmuseen bzw. im Naturmuseum Südtirol verwahrt, einige relevante Belege in weiteren öffentlichen sowie Privatsammlungen: Tiroler Landesmuseum Ferdinandeum: 9132 Proben; Naturmuseum Südtirol: 975 Proben; Sammlung Helmut Deutsch: 133 Proben; Museum für Naturkunde, Chemnitz: 50 Proben; 18 andere: 103 Proben.

Die Gewebeproben bzw. die DNA-Extrakte werden als permanente Leihgabe am Biodiversity Institute of Ontario, Guelph, Kanada, gelagert.

DNA-Sequenzierungen/Auswertungen

Die DNA Isolation, PCR Amplifikation sowie die anschließende DNA-Sequenzierung erfolgte am CCDB nach den bei DEWAARD et al. (2008) beschriebenen Standardprotokollen. Mit Hilfe dieser Methoden wurde eine 658 Basenpaare umfassende Region der mitochondrialen Cytochrom C Oxidase I (COI, Barcodefragment 5) isoliert und vervielfältigt. Insgesamt wurden einschließlich weniger bereits in BOLD (Barcode of Life Data Systems, <http://www.boldsystems.org>) vorhandener Daten aus dem Untersuchungsraum Gewebeproben von 10393 Individuen sequenziert, davon 5330 aus Österreich und 5063 aus Italien. Von 9964 (95,87%) Individuen konnte eine Sequenz des für Barcoding relevanten Abschnittes des mtDNA COI-Gens ermittelt werden, die für 9748 Individuen (93,79%) mehr als 500 Basenpaare umfasst. 8647 Sequenzen umfassen mit 658 Basenpaaren den vollständigen Barcode. Insgesamt wurden 9443 Proben (90,85%) als barcodekonform bewertet. Die Qualität der Sequenzen ist mit 99,61% hoch (<1% Ns), 0,37% mittel (<2% Ns) und 0,01% niedrig (<4% Ns) (Quelle BOLD) insgesamt hervorragend.

Alle ähnlichen Sequenzen > 500 bp weisen in BOLD eine einzigartige Barcode Index Number (BIN) auf. BINs werden über einen komplexen zweistufigen Algorithmus generiert, welcher Sequenzen in einem Cluster gruppiert. Der Algorithmus prüft die taxonomische Performance konkurrierender Ansätze und ermöglicht eine automatisierte Zuordnung weiterer neuer Barcodes zu einem BIN (RATNASINGHAM & HEBERT 2013).

Somit werden sämtliche gemeinsam clusternde Barcodes in BOLD unabhängig von ihrer Projektherkunft erfasst. BINs berücksichtigen daher die überregionale intraspezifische Divergenz und ermöglichen somit eine zuverlässige Abschätzung der Barcode-Performance auch lokaler oder regionaler Studien. Ein BIN ist im Optimalfall gleichbedeutend mit einem Linnischen Artnamen, das Auftreten mehrerer BINs in einer klassischen Art ist hingegen auf taxonomische Relevanz zu prüfen.

Vollständige geographische Daten der Belege samt Fotos sowie der zugehörigen Sequenzen (Abb. 2-3) finden sich im öffentlichen Dataset Lepidoptera of the Alps-Tyrol [DS-LEATYROL] in der Datenbank BOLD (Barcode of Life Data Systems; RATNASINGHAM & HEBERT 2007). Auf eine tabellarische Auflistung der Detaildaten muss hier aus Platzgründen verzichtet werden.

Intra- und interspezifische Distanzen im Barcode-Fragment wurden mit dem Kimura-2-Parameter-Modell (K2P) mit Hilfe der Analyse Tools von BOLD v. 3.0 berechnet. Die abgebildeten Neighbor-Joining Trees basieren ebenfalls auf dem K2P-Berechnungsmodell und wurden mit dem Programm Mega 5 (TAMURA et al. 2011) graphisch umgesetzt.

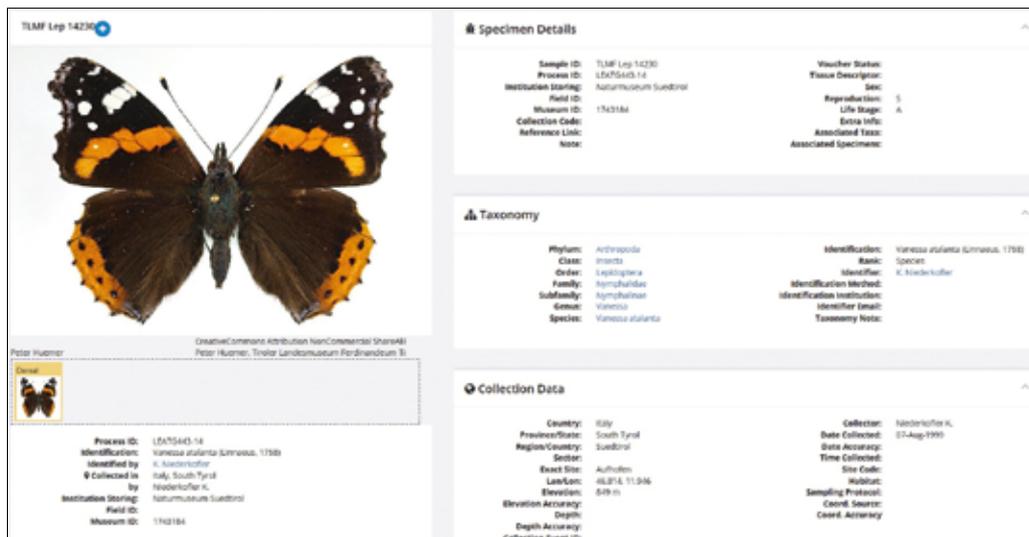


Abb. 2: Für jeden Beleg wurde in der Datenbank BOLD eine „specimen page“ angelegt (Quelle BOLD)

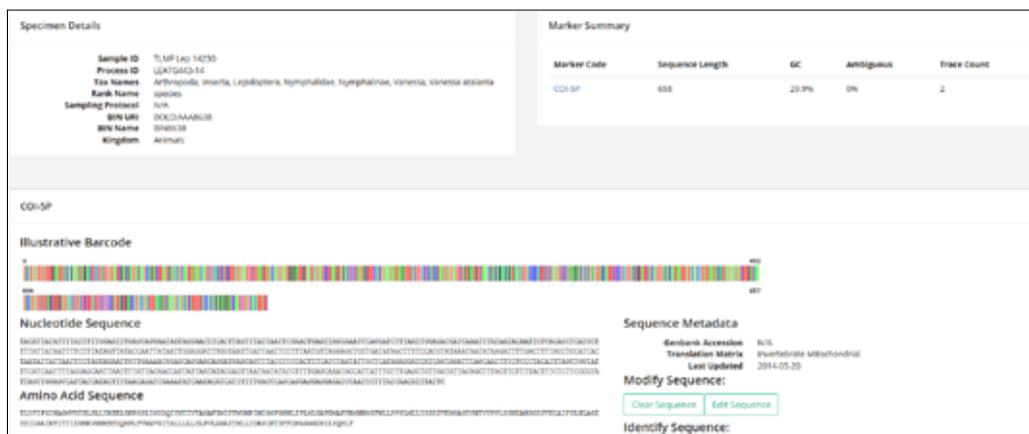


Abb. 3: Sequenzen finden sich in der Datenbank BOLD in einer mit den Beleginformationen verknüpften „sequence page“ (Quelle BOLD)

Ergebnisse und Diskussion

Sequenzierter Artenbestand

Die Ergebnisse umfassen Gensequenzen für 2563 Arten (einschließlich weniger Unterarten), das sind 96,8% der insgesamt beprobten 2648 Arten. Somit liegen aktuell für ca. drei Viertel der gesamten aus Südtirol und Tirol bekannten Schmetterlingsfauna genetische Sequenzen vor. Das Ausmaß an sequenzierten höheren Taxa ist mit Vertretern aus 70 Familien außerordentlich und hebt sich auf Grund des taxonomischen Umfangs von fast allen bisher aus Europa publizierten Studien ab. Einzig HUEMER & HEBERT (2015) sowie HUEMER et al. (2015) befassen sich in regionalen Studien mit Artenzahlen >1000 bei einer gleichzeitigen Abdeckung fast aller Familien. Ähnlich wie in diesen Veröffentlichungen sind die Eulenfalterartigen Familien Noctuidae (358 spp.) und Erebidae (100 spp.) am artenreichsten, knapp gefolgt von den Spannern (Geometridae) (354 spp.) und Wicklern (Tortricidae) (331 spp.), Graszünlern (Crambidae) (132 spp.) und Palpenfaltern (Gelechiidae) (187 spp.), während für alle anderen Familien von weniger als 100 Arten Sequenzen vorliegen.

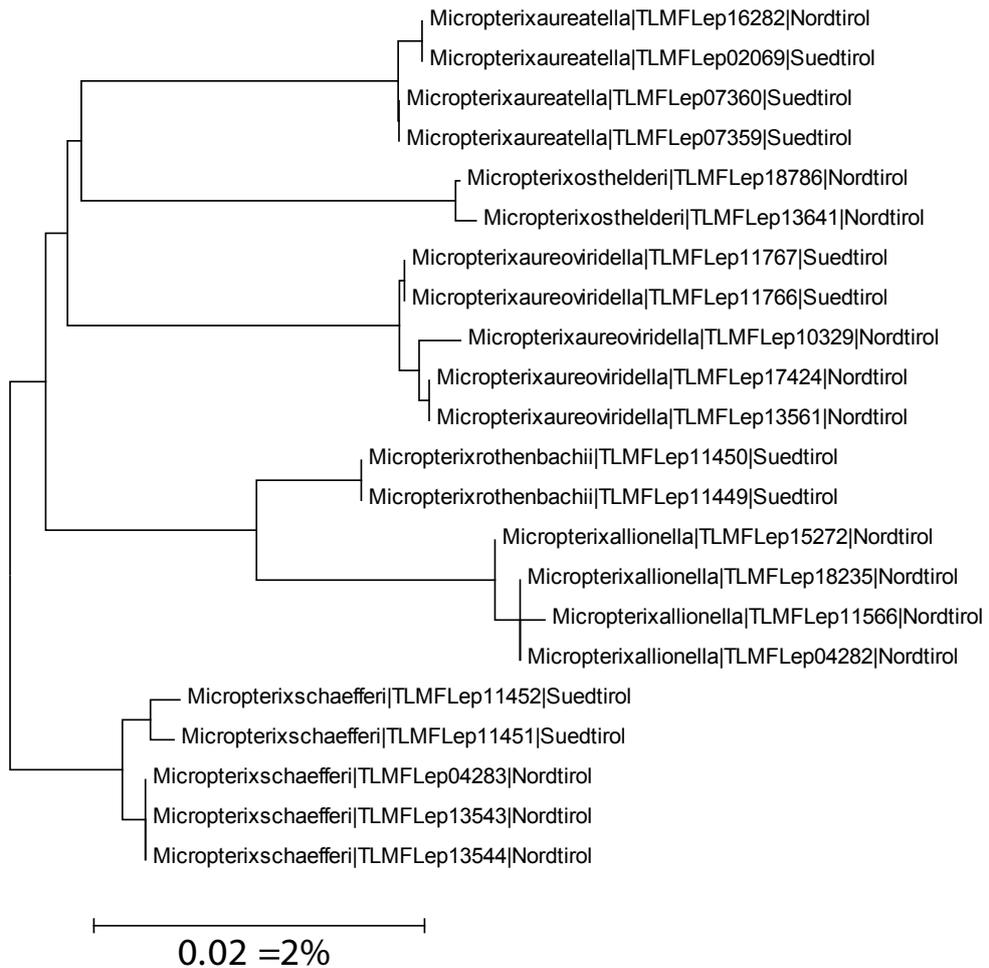
Von 85 Arten konnten keine Sequenzen ermittelt werden. Die Ursachen dürften zu einem erheblichen Teil durch DNA-Degradierung bedingt sein.

Genetische Distanzen – Barcoding Gap

Eine Grundvoraussetzung für die erfolgreiche genetische Identifikation eines Individuums einer Art ist das Vorhandensein eines Barcoding Gaps zur genetisch ähnlichsten Art. Das bedeutet, dass die maximale genetische Distanz von einem Individuum innerhalb der Art A kleiner sein muss als die Distanz zum ähnlichsten Individuum der nächst stehenden Art B.

Die intraspezifischen Divergenzen in unseren Proben betragen zusammengefasst für die gesamte Probe (Sequenzen >500 bp) durchschnittlich lediglich 0,45% (Min 0%, Max 9,97%),. Die interspezifischen Distanzen zum Nächsten Nachbarn sind demgegenüber mit durchschnittlich 6,38% (Min 0%, Max 19,85%) signifikant und um mehr als eine Zehnerpotenz größer als intraspezifische Divergenzen. Der weitaus überwiegende Anteil des sequenzierten Artenbestandes besitzt arttypische Barcodes. Lediglich 166 Arten bzw. 6,5% des Artenbestandes weisen eine interspezifische Divergenz zum Nächsten Nachbarn von weniger als 2% auf. In umfassenden Untersuchungen bei vielen Gruppen wird ein Schwellenwert von ca. 2-3% interspezifischer Divergenz als kritische Grenze zur Unterscheidung von Arten angenommen (HEBERT et al. 2003a, 2003b). Ob allerdings für einzelne Artenpaare ein Barcoding Gap besteht, ist in jedem Einzelfall zu prüfen. Abb. 4 zeigt Distanzen innerhalb der Gattung *Micropterix* mit 6 genetisch deutlich getrennten Arten (lange Äste) bei gleichzeitig geringer innerartlicher Variationsbreite (kurze Äste) und somit deutliche Barcoding Gaps.

Abb. 4: Neighbor-Joining Tree zur Abbildung genetischer Distanzen der sequenzierten Proben der Gattung *Micropterix*



Artabgrenzung über BINs (Barcode Index Number)

Insgesamt konnte für 2565 Arten ein oder mehrere BINs ermittelt werden: 2400 Arten (1 BIN), 147 Arten (2 BINs), 16 Arten (3 BINs), 1 Art (4BINs). 2442 bzw. 95,2% aller Arten sind mittels BIN zweifelsfrei bestimmbar. Die restlichen Arten 123 Arten (4,8%) teilen den BIN mit mindestens einer anderen Art, im Extremfall wie in der Gattung *Apotomis*, mit 5 Arten (Tab. 1). Einige der über BIN nicht unterscheidbaren Taxa divergieren im Barcode geringfügig, jedoch konstant unterschiedlich, so insbesondere Taxa mit einer Divergenz zum Nächsten Nachbarn von > 0,5% (Tab. 3). Auch diese Arten lassen sich daher genetisch zweifelsfrei abgrenzen (siehe auch folgendes Kapitel).

Insgesamt verteilt sich der Artenbestand aus 2678 BINs, wobei von 2552 BINs auch Sequenzen aus anderen Regionen bekannt sind, insgesamt 102188 Einzelsequenzen. 126 BINs mit insgesamt 282 Sequenzen waren hingegen in BOLD bisher unbekannt und sind bisher ausschließlich aus Südtirol und Tirol bekannt (Tab. 2). Die Mehrzahl der zugeordneten Taxa wurden im Rahmen der globalen Barcoding-Aktivitäten hier erstmals bearbeitet, mehrere Arten treten im Untersuchungsraum in bisher unbekanntem Haplotypen auf und schließlich zählen auch einige bisher taxonomisch ungeklärte Arten zu den nur aus dem Untersuchungsraum bekannten BINs.

Tabelle 1: BIN-teilende Arten im Untersuchungsraum (Quelle BOLD)

ART	BIN		BIN
<i>Pieris bryoniae</i>	BOLD:AAA2226	<i>Erebia cassioides</i>	BOLD:AAB3453
<i>Pieris napi</i>	BOLD:AAA2226	<i>Erebia nivalis</i>	BOLD:AAB3453
<i>Polyommatus eros</i>	BOLD:AAA3303	<i>Erebia tyndarus</i>	BOLD:AAB3453
<i>Polyommatus icarus</i>	BOLD:AAA3303	<i>Phengaris alcon</i>	BOLD:AAB4303
<i>Polyommatus bellargus</i>	BOLD:AAA3305	<i>Phengaris rebeli</i>	BOLD:AAB4303
<i>Polyommatus coridon</i>	BOLD:AAA3305	<i>Oligia dubia</i>	BOLD:AAB4833
<i>Crambus monochromellus</i>	BOLD:AAA6137	<i>Oligia strigilis</i>	BOLD:AAB4833
<i>Crambus perlella</i>	BOLD:AAA6137	<i>Oligia versicolor</i>	BOLD:AAB4833
<i>Diachrysia chrysis</i>	BOLD:AAA6511	<i>Elophos zelleraria</i>	BOLD:AAB4957
<i>Diachrysia stenochrysis</i>	BOLD:AAA6511	<i>Sciadia tenebraria</i>	BOLD:AAB4957
<i>Thera cembrae</i>	BOLD:AAA7521	<i>Pyrgus malvae</i>	BOLD:AAB6141
<i>Thera obeliscata</i>	BOLD:AAA7521	<i>Pyrgus malvoides</i>	BOLD:AAB6141
<i>Thera britannica</i>	BOLD:AAA7522	<i>Aphelia paleana</i>	BOLD:AAB6819
<i>Thera variata</i>	BOLD:AAA7522	<i>Aphelia unitana</i>	BOLD:AAB6819
<i>Thera vetustata</i>	BOLD:AAA7522	<i>Coleophora alnifoliae</i>	BOLD:AAB7467
<i>Yponomeuta cagnagella</i>	BOLD:AAA7740	<i>Coleophora milvipennis</i>	BOLD:AAB7467
<i>Yponomeuta evonymella</i>	BOLD:AAA7740	<i>Conistra ligula</i>	BOLD:AAB7880
<i>Yponomeuta irrorella</i>	BOLD:AAA7740	<i>Conistra vaccinii</i>	BOLD:AAB7880
<i>Yponomeuta malinellus</i>	BOLD:AAA7740	<i>Coleophora albidella</i>	BOLD:AAB8489
<i>Yponomeuta padella</i>	BOLD:AAA7740	<i>Coleophora bernoulliella</i>	BOLD:AAB8489
<i>Erebia euryale</i>	BOLD:AAA8264	<i>Scoparia italica</i>	BOLD:AAC0151
<i>Erebia ligea</i>	BOLD:AAA8264	<i>Scoparia manifestella</i>	BOLD:AAC0151
<i>Dichrorampha aeratana</i>	BOLD:AAA8637	<i>Setina aurita</i>	BOLD:AAC0260
<i>Dichrorampha sedatana</i>	BOLD:AAA8637	<i>Setina irrorella</i>	BOLD:AAC0260
<i>Dichrorampha tarmanni</i>	BOLD:AAA8637	<i>Perizoma affinitata</i>	BOLD:AAC0743
<i>Melitaea asteria</i>	BOLD:AAA8828	<i>Perizoma hydrata</i>	BOLD:AAC0743
<i>Melitaea aurelia</i>	BOLD:AAA8828	<i>Taleporia politella</i>	BOLD:AAC2838
<i>Brenthis daphne</i>	BOLD:AAA9312	<i>Taleporia tubulosa</i>	BOLD:AAC2838
<i>Brenthis ino</i>	BOLD:AAA9312	<i>Pammene fasciana</i>	BOLD:AAC8302
<i>Boloria aquilonaris</i>	BOLD:AAA9406	<i>Pammene herrichiana</i>	BOLD:AAC8302
<i>Boloria napaea</i>	BOLD:AAA9406	<i>Poecilocampa alpina</i>	BOLD:AAC8994
<i>Chloroclysta miata</i>	BOLD:AAA9515	<i>Poecilocampa populi</i>	BOLD:AAC8994
<i>Chloroclysta siterata</i>	BOLD:AAA9515	<i>Adscita alpina</i>	BOLD:AAD5110
<i>Coenonympha arcania</i>	BOLD:AAB1120	<i>Adscita statices</i>	BOLD:AAD5110
<i>Coenonympha gartetta</i>	BOLD:AAB1120	<i>Callisto basistrigella</i>	BOLD:AAE0738
<i>Scoparia ambigua</i>	BOLD:AAB1555	<i>Callisto coffeella</i>	BOLD:AAE0738
<i>Scoparia basistrigalis</i>	BOLD:AAB1555	<i>Coleophora nutantella</i>	BOLD:AAE1255
<i>Mesapamea remmi</i>	BOLD:AAB2749	<i>Coleophora silenella</i>	BOLD:AAE1255
<i>Mesapamea secalella</i>	BOLD:AAB2749	<i>Eriogaster arbusculae</i>	BOLD:AAE2337
<i>Mesapamea secalis</i>	BOLD:AAB2749	<i>Eriogaster lanestris</i>	BOLD:AAE2337

<i>Zygaena minos</i>	BOLD:AAE6704	<i>Lacanobia oleracea</i>	BOLD:ABY4614
<i>Zygaena purpuralis</i>	BOLD:AAE6704	<i>Lacanobia splendens</i>	BOLD:ABY4614
<i>Pseudococcyx mughiana</i>	BOLD:AAE7999	<i>Setina aurita</i>	BOLD:ABZ5368
<i>Pseudococcyx posticana</i>	BOLD:AAE7999	<i>Setina irrorella</i>	BOLD:ABZ5368
<i>Pseudococcyx turionella</i>	BOLD:AAE7999	<i>Apotomis betuletana</i>	BOLD:ABZ6958
<i>Teleiodes italica</i>	BOLD:AAE9855	<i>Apotomis capreana</i>	BOLD:ABZ6958
<i>Teleiodes vulgella</i>	BOLD:AAE9855	<i>Apotomis inundana</i>	BOLD:ABZ6958
<i>Scrobipalpula diffuella</i>	BOLD:AAF1106	<i>Apotomis sauciana</i>	BOLD:ABZ6958
<i>Scrobipalpula tussilaginis</i>	BOLD:AAF1106	<i>Apotomis semifasciana</i>	BOLD:ABZ6958
<i>Catoptria combinella</i>	BOLD:AAF2085	<i>Pyrgus alveus</i>	BOLD:ABZ6967
<i>Catoptria petrificella</i>	BOLD:AAF2085	<i>Pyrgus warrenensis</i>	BOLD:ABZ6967
<i>Depressaria hofmanni</i>	BOLD:AAH7006	<i>Eucosma aspidiscana</i>	BOLD:ACE7836
<i>Depressaria lacticapitella</i>	BOLD:AAH7006	<i>Eucosma metzneriana</i>	BOLD:ACE7836
<i>Scythris fallacella</i>	BOLD:AAH9850	<i>Euxoa obelisca</i>	BOLD:ACE8354
<i>Scythris sappadensis</i>	BOLD:AAH9850	<i>Euxoa tritici</i>	BOLD:ACE8354
<i>Anchinia cristalis</i>	BOLD:AAK1437	<i>Euxoa vitta</i>	BOLD:ACE8354
<i>Anchinia laureolella</i>	BOLD:AAK1437	<i>Pyrgus andromedae</i>	BOLD:ACE9283
<i>Parornix alpicola</i>	BOLD:AAL3862	<i>Pyrgus cacaliae</i>	BOLD:ACE9283
<i>Parornix scoticella</i>	BOLD:AAL3862	<i>Cydia cythisanthana</i>	BOLD:ACF3585
<i>Erebia stirius</i>	BOLD:AAV7085	<i>Cydia succedana</i>	BOLD:ACF3585
<i>Erebia styx</i>	BOLD:AAV7085	<i>Catoptria pyramidellus</i>	BOLD:ACF3635
		<i>Catoptria specularis</i>	BOLD:ACF3635

Tabelle 2: Bisher exklusiv auf Untersuchungsraum Südtirol-Tirol beschränkte BINs in BOLD mit den zugeordneten Taxa (Quelle BOLD)

BIN	TAXA		
BOLD:AAP6528	<i>Acrobasis glaucella</i>	BOLD:ACJ9398	<i>Cochylis roseana</i>
BOLD:ABV4430	<i>Agonochaetia intermedia</i>	BOLD:ACS7719	<i>Coleophora</i>
BOLD:ACS8051	<i>Agonopterix pupillana</i>	BOLD:ACX7737	<i>Coleophora albulae</i>
BOLD:ACK2123	<i>Agriphila tristella</i>	BOLD:AAP5666	<i>Coleophora auricella</i>
BOLD:ACM6674	<i>Amphipyra tetra</i>	BOLD:ACT2725	<i>Coleophora meridionella</i>
BOLD:ACX8131	<i>Anacampsis obscurella</i>	BOLD:ACT0105	<i>Coleophora obtectella</i>
BOLD:ACJ4467	<i>Ancylis unculana</i>	BOLD:ACJ5918	<i>Conisania luteago</i>
BOLD:ACR4377	<i>Anomalotinea gardesanella</i>	BOLD:ACR2421	<i>Cosmopterix scribaiella</i>
BOLD:ACO4198	<i>Aproaerema anthyllidella</i>	BOLD:ACR3183	<i>Crocota tinctoria</i>
BOLD:ACK0360	<i>Aristotelia</i>	BOLD:ACF9202	<i>Cydia exquisitana</i>
BOLD:ACR3436	<i>Athrips amoenella</i>	BOLD:ACX8103	<i>Cydia milleniana</i>
BOLD:ACR3301	<i>Atremaea lonchoptera</i>	BOLD:ACI8286	<i>Dasycera oliviella</i>
BOLD:ABX3791	<i>Autophila hirsuta</i>	BOLD:ACW5127	<i>Denisia augustella</i>
BOLD:ACI8183	<i>Buvatina tineiformis</i>	BOLD:ACF8043	<i>Diaphora sordida</i>
BOLD:ACJ4070	<i>Caradrina</i>	BOLD:AAE7518	<i>Dichrorampha bugnionana dolomitana</i>
BOLD:ACJ5624	<i>Caryocolum crypticum</i>	BOLD:ACE9377	<i>Dichrorampha bugnionana dolomitana</i>
BOLD:ACR3961	<i>Caryocolum moehringiae</i>	BOLD:AAX9221	<i>Dichrorampha ligulana</i>
BOLD:ABV4976	<i>Caryocolum ocolatella</i>	BOLD:ACM6939	<i>Dysauxes punctata</i>
BOLD:ACL3018	<i>Caryocolum schleichi improvisella</i>	BOLD:AAV9284	<i>Ectoedemia</i>
BOLD:ACT3307	<i>Caryocolum schleichi improvisella</i>	BOLD:ACJ9634	<i>Elachista</i>
BOLD:ACK2775	<i>Caryocolum tischeriella</i>	BOLD:ACS7569	<i>Elachista</i>
BOLD:ACJ9735	<i>Chionodes hayreddini</i>	BOLD:ACT4739	<i>Elachista</i>
BOLD:ACR3890	<i>Chrysoclista abchasica</i>	BOLD:ACK0193	<i>Elachista brachypterella</i>
BOLD:ABW5889	<i>Cochylidia moguntiana</i>	BOLD:ACM6349	<i>Elachista brachypterella</i>
BOLD:ACX8786	<i>Cochylimorpha woliniana</i>	BOLD:ACJ3763	<i>Elachista gruenewaldi</i>

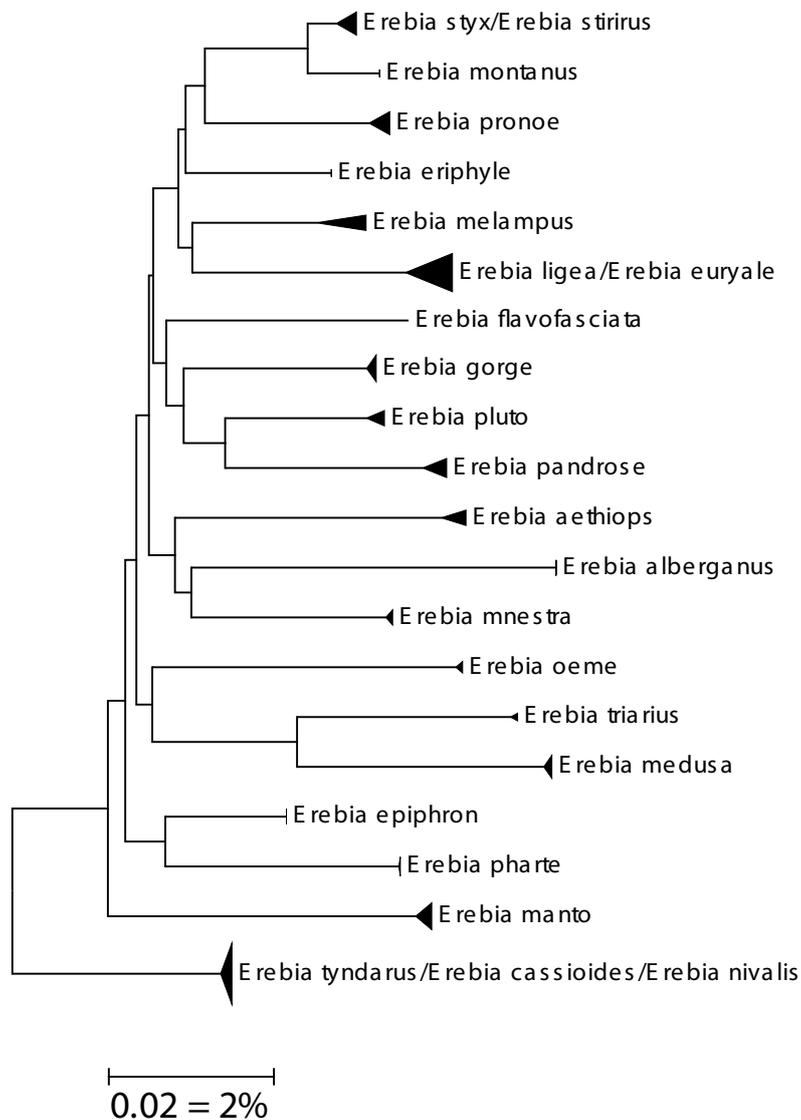
BOLD:ACJ3946	<i>Elachista nolckeni</i>	BOLD:ACO6227	<i>Metalampra italica</i>
BOLD:AAP5759	<i>Elegia fallax</i>	BOLD:ACX8747	<i>Monopis burmanni</i>
BOLD:ACJ3674	<i>Elophos zelleraria</i>	BOLD:ACR2626	<i>Montetinea</i>
BOLD:ACS3942	<i>Epermenia chaerophyllella</i>	BOLD:ACJ9823	<i>Nemapogon</i>
BOLD:ACJ5630	<i>Epermenia ochreomaculellus</i>	BOLD:AAJ6122	<i>Nemapogon inconditella</i>
BOLD:ACJ9770	<i>Epermenia pontificella</i>	BOLD:AAP5728	<i>Nyctobrya muralis</i>
BOLD:ACK0170	<i>Epermenia pontificella</i>	BOLD:ACP8604	<i>Ochromolopis ictella</i>
BOLD:ACR2218	<i>Ephysteris inustella</i>	BOLD:ACJ9756	<i>Oegoconia huemeri</i>
BOLD:ACK0188	<i>Epinotia thapsiana</i>	BOLD:AAD5736	<i>Parachronistis albiceps</i>
BOLD:ACJ4523	<i>Epischnia prodromella</i>	BOLD:ACP7671	<i>Parahyponomeuta egregiella</i>
BOLD:ACX8532	<i>Eriocrania alpinella</i>	BOLD:ACX7974	<i>Parornix</i>
BOLD:ACX9048	<i>Ethmia chrysopygella</i>	BOLD:AAU2836	<i>Pediasia pedriolellus</i>
BOLD:AAP5580	<i>Etiella zinckenella</i>	BOLD:ACX7841	<i>Pediasia pedriolellus</i>
BOLD:ACX8802	<i>Eucosma campoliliana</i>	BOLD:ACR4093	<i>Pelochrista infidana</i>
BOLD:ACP8105	<i>Eudarcia hedemanni</i>	BOLD:ACK0213	<i>Phaneta pauperana</i>
BOLD:AAP7289	<i>Eudarcia pagenstecherella</i>	BOLD:ACX7807	<i>Philedonides lunana</i>
BOLD:ACJ9576	<i>Eudonia murana</i>	BOLD:ABX4171	<i>Phrealcia eximiella</i>
BOLD:ACR9491	<i>Eulamprotes</i>	BOLD:ACU4695	<i>Phycitodes binaevella</i>
BOLD:AAP5737	<i>Eulamprotes ochricapilla</i>	BOLD:AAT9523	<i>Phyllonorycter ulmifoliella</i>
BOLD:ACS6376	<i>Eupithecia semigraphata</i>	BOLD:ACI8957	<i>Pleurota aristella</i>
BOLD:ACO0099	<i>Eupithecia thalictrata</i>	BOLD:ACR4606	<i>Pleurota malatya</i>
BOLD:ACJ3777	<i>Euxoa distinguenda</i>	BOLD:ACR9358	<i>Polyommatus coridon</i>
BOLD:AAJ9300	<i>Gelechia asinella</i>	BOLD:AAP7155	<i>Pseudatemelia latipennella</i>
BOLD:AAT9917	<i>Glyphipterix equitella</i>	BOLD:AAV2791	<i>Pseudophiaris sappadana</i>
BOLD:AAL3826	<i>Gnorimoschema nilsi</i>	BOLD:ACJ4605	<i>Rhodostrophia vibicaria</i>
BOLD:AAP6476	<i>Goidanichiana jourdheuillega</i>	BOLD:ACR4462	<i>Schiffermuelleria grandis</i>
BOLD:ACR2661	<i>Grapholita gemmiferana</i>	BOLD:ACJ4834	<i>Scotopteryx vicinaria</i>
BOLD:ACL2278	<i>Hellinsia tephradactyla</i>	BOLD:ACI9032	<i>Scrobipalpa perinii</i>
BOLD:AAP6453	<i>Hypsopygia rubidalis</i>	BOLD:ACL2449	<i>Scrobipalpa rebeli</i>
BOLD:ACK1747	<i>Idaea elongaria</i>	BOLD:ACX8455	<i>Scrobipalpa reiprichi</i>
BOLD:ACK0037	<i>Infurcitinea captans</i>	BOLD:ACE6653	<i>Sphaleroptera orientana suborientana</i>
BOLD:ACR4497	<i>Infurcitinea roesslerella</i>	BOLD:ACX8014	<i>Stigmella</i>
BOLD:ACT2609	<i>Isidiella nickerlii</i>	BOLD:ABX5919	<i>Symmoca dolomitana</i>
BOLD:AAQ0979	<i>Kessleria burmanni</i>	BOLD:ACI8674	<i>Symmocoides oxybiella</i>
BOLD:AAJ0326	<i>Klimeschiopsis discontinuella</i>	BOLD:ACL7124	<i>Tila capsophilella</i>
BOLD:ACJ9909	<i>Leucoptera spartifoliella</i>	BOLD:ACJ6726	<i>Trifurcula</i>
BOLD:ABX1361	<i>Loxostege virescalis</i>	BOLD:ACR4608	<i>Trifurcula</i>
BOLD:ACK1973	<i>Metachrostis dardouini</i>	BOLD:ACJ6101	<i>Xanthocrambus lucellus</i>

Barcode-Sharing und Barcode-Überlappung

Identische Barcodes (=Barcode-Sharing) zweier oder ausnahmsweise auch mehrerer Arten deuten auf evolutiv junge Arten, oder auch auf Hybridisierung und Introgression hin. Für 43 Arten aus unseren Proben wurde überhaupt keine interspezifische Divergenz festgestellt, allerdings bei insgesamt geringer Probenanzahl. Weitere etwa 41 Arten weisen eine geringe Divergenz von <1% zum Nächsten Nachbarn auf und die Barcodes etlicher dieser Taxa überlappen teilweise (Tab. 3). Immerhin 10 Arten lassen sich trotzdem im Barcode sicher unterscheiden. Die meisten dieser Arten sind morphologisch völlig zweifelsfrei abgegrenzt, wie beispielsweise *Coleophora nutantella*/*C. silenella*, *Catoptria pyramidellus*/*C. speculalis* und *Scoparia basistrigalis*/*S. ambigualis*.

Ein eindrückliches Beispiel für sowohl genetisch deutlich getrennte Arten als auch Artenpaare/gruppen ohne genetische Trennung ist die Gattung *Erebia* (Abb. 5). Die 24 im Untersuchungsraum nachgewiesenen Arten weisen eine durchschnittliche Distanz zum Nächsten Nachbarn von 3,23% auf, allerdings lassen sich gleich drei morphologisch zweifelsfrei differenzierte Artenpaare bzw. Gruppen im Barcode nicht trennen: *Erebia styx/stirius*, *Erebia ligea/euryale* und *Erebia tyndarus/cassioides/nivalis* (Abb. 5).

Abb. 5: Neighbour-Joining Tree der Gattung *Erebia* im Untersuchungsgebiet basierend auf Sequenzen >500 bp. Die Breite der Dreiecke repräsentiert den Probenumfang, die Tiefe die genetische Variabilität innerhalb des Clusters. Drei Artengruppen sind im Barcode nicht getrennt (Quelle BOLD)



Hybridisierung bzw. Introgression kann für eine ganze Reihe der sequenzierten Arten mit identen Barcodes angenommen werden und gilt beispielsweise bei *Adscita alpina*/*A. statices* sowie *Setina aurita*/*S. irrorella* (Abb. 6) als weitgehend gesichert (GUENIN 1997, TRAWÖGER 1991), bei *Mespamea remmi* als umstritten (HAUSMANN et al. 2011b, REZBANYAI-RESER 2011, ZILLI et al. 2005)



Abb. 6:
Introgressive
Hybridisation gilt
in der Gattung
Setina als äußerst
wahrscheinlich
(Foto TLM/Peter
Buchner)

Identische, respektive weitgehend überlappende Barcodes können aber auch ein Hinweis auf unzureichend geklärte Taxonomie und artifizielle Artabgrenzung durch Oversplitting sein (MUTANEN et al. 2014). Solche Verdachtsfälle sind in der Fauna Südtirols/Tirols die Artenpaare *Parornix scoticella*/*P. alpicola*, *Pseudococcyx turionella*/*P. mughiana*, *Crambus perlella*/*C. monochromella* und *Phengaris alcon*/*P. rebeli* deren Artstatus teilweise schon lange umstritten ist. Auch der Artstatus von *Thera obeliscata*/*T. cembrae* ist zweifelhaft (HAUSMANN & VIIDALEPP 2012). Arten in dieser Gruppe einschließlich *Thera variata* unterliegen darüber hinaus vielfach Fehlbestimmungen, und weitere kerngenetische Untersuchungen erscheinen zur Klärung der Taxonomie dringend erforderlich. Identische Barcodes nominell unterschiedlicher Taxa über kontinentale Grenzen hinweg sind ebenfalls auf potentielle Synonymien zu prüfen. Ein bemerkenswertes Beispiel ist hier die bisher in Südtirol unter dem Namen *Blastobasis huemeri* geführte Art, die tatsächlich mit der ursprünglich nordamerikanischen *Blastobasis glandulella* identisch ist (LANDRY et al. 2013).

Tabelle 3: Arten mit identen oder überlappenden interspezifischen Barcodes bzw. einer geringen Divergenz zum Nächsten Nachbarn von weniger als 1%; Reihung der Taxa nach Distanz zum Nächsten Nachbarn (Quelle BOLD)

FAMILIE	ART	MEAN	MAX	NÄCHSTER NACHBAR NN	DISTANZ
		INTRA-SP	INTRA-SP		NN
Coleophoridae	<i>Coleophora alnifoliae</i>	0,47	0,93	<i>Coleophora milvipennis</i>	0
Coleophoridae	<i>Coleophora milvipennis</i>	2,68	5,98	<i>Coleophora alnifoliae</i>	0
Coleophoridae	<i>Coleophora nutantella</i>	0,31	0,62	<i>Coleophora silenella</i>	0
Coleophoridae	<i>Coleophora silenella</i>	0,49	0,77	<i>Coleophora nutantella</i>	0
Crambidae	<i>Catoptria pyramidellus</i>	0	0	<i>Catoptria specularis</i>	0
Crambidae	<i>Catoptria specularis</i>	0,15	0,46	<i>Catoptria pyramidellus</i>	0
Crambidae	<i>Crambus monochromellus</i>	0,51	0,77	<i>Crambus perlella</i>	0
Crambidae	<i>Crambus perlella</i>	0,43	1,08	<i>Crambus monochromellus</i>	0
Crambidae	<i>Scoparia ambigualis</i>	0	0	<i>Scoparia basistrigalis</i>	0
Crambidae	<i>Scoparia basistrigalis</i>	0	0	<i>Scoparia ambigualis</i>	0
Depressariidae	<i>Anchinia cristalis</i>	0,2	0,31	<i>Anchinia laureolella</i>	0
Depressariidae	<i>Anchinia laureolella</i>	0	0	<i>Anchinia cristalis</i>	0
Erebidae	<i>Setina aurita</i>	1,16	2,34	<i>Setina irrorella</i>	0
Erebidae	<i>Setina irrorella</i>	1,36	2,25	<i>Setina aurita</i>	0
Geometridae	<i>Elophos zelleraria</i>	3,47	5,44	<i>Sciadia tenebraria wockearia</i>	0
Geometridae	<i>Thera obeliscata</i>	0,53	0,77	<i>Thera cembrae</i>	0
Geometridae	<i>Thera cembrae</i>	0,04	0,32	<i>Thera obeliscata</i>	0
Hesperiidae	<i>Pyrgus malvae</i>	0,72	1,08	<i>Pyrgus malvoides</i>	0
Hesperiidae	<i>Pyrgus malvoides</i>	0,16	0,16	<i>Pyrgus malvae</i>	0
Lycaenidae	<i>Phengaris alcon</i>	0	0	<i>Phengaris rebeli</i>	0
Lycaenidae	<i>Phengaris rebeli</i>	0,15	0,15	<i>Phengaris alcon</i>	0
Noctuidae	<i>Mesapamea remmi</i>	N/A	N/A	<i>Mesapamea secalella</i>	0
Noctuidae	<i>Mesapamea secalella</i>	0,28	0,77	<i>Mesapamea remmi</i>	0
Nymphalidae	<i>Erebia cassioides</i>	0,09	0,16	<i>Erebia nivalis</i>	0
Nymphalidae	<i>Erebia nivalis</i>	0,08	0,17	<i>Erebia cassioides</i>	0
Nymphalidae	<i>Erebia tyndarus</i>	0,3	0,82	<i>Erebia nivalis</i>	0
Psychidae	<i>Taleporia politella</i>	0,15	0,15	<i>Taleporia tubulosa</i>	0
Psychidae	<i>Taleporia tubulosa</i>	1,77	2,99	<i>Taleporia politella</i>	0
Scythrididae	<i>Scythris fallacella</i>	0	0	<i>Scythris sappadensis</i>	0
Scythrididae	<i>Scythris sappadensis</i>	0	0	<i>Scythris fallacella</i>	0
Tortricidae	<i>Apotomis betuletana</i>	0,12	0,31	<i>Apotomis inundana</i>	0
Tortricidae	<i>Apotomis inundana</i>	0	0	<i>Apotomis betuletana</i>	0
Tortricidae	<i>Cydia cythisanthana</i>	0,61	0,61	<i>Cydia succedana</i>	0
Tortricidae	<i>Cydia succedana</i>	1,33	2,34	<i>Cydia cythisanthana</i>	0
Tortricidae	<i>Dichrorampha sedatana</i>	0,32	0,77	<i>Dichrorampha tarmanni</i>	0
Tortricidae	<i>Dichrorampha tarmanni</i>	0	0	<i>Dichrorampha sedatana</i>	0
Tortricidae	<i>Pseudococcyx mughiana</i>	N/A	N/A	<i>Pseudococcyx turionella</i>	0
Tortricidae	<i>Pseudococcyx turionella</i>	0,46	1,08	<i>Pseudococcyx mughiana</i>	0
Yponomeutidae	<i>Yponomeuta cagnagella</i>	0,73	1,55	<i>Yponomeuta malinellus</i>	0
Yponomeutidae	<i>Yponomeuta malinellus</i>	0	0	<i>Yponomeuta cagnagella</i>	0
Zygaenidae	<i>Zygaena minos</i>	0,78	1,31	<i>Zygaena purpuralis</i>	0
Zygaenidae	<i>Zygaena purpuralis</i>	0,55	1,15	<i>Zygaena minos</i>	0
Gelechiidae	<i>Teleiodes italica</i>	0,2	0,31	<i>Teleiodes vulgella</i>	0,15
Gelechiidae	<i>Teleiodes vulgella</i>	0	0	<i>Teleiodes italica</i>	0,15
Gracillariidae	<i>Parornix alpicola</i>	0	0	<i>Parornix scoticella</i>	0,15
Gracillariidae	<i>Parornix scoticella</i>	0,48	0,48	<i>Parornix alpicola</i>	0,15
Noctuidae	<i>Euxoa obelisca</i>	0,04	0,15	<i>Euxoa vitta</i>	0,15
Noctuidae	<i>Euxoa vitta</i>	0	0	<i>Euxoa obelisca</i>	0,15
Nymphalidae	<i>Coenonympha arcania</i>	0,09	0,16	<i>Coenonympha gardetta</i>	0,15
Nymphalidae	<i>Coenonympha gardetta</i>	1,42	2,18	<i>Coenonympha arcania</i>	0,15
Yponomeutidae	<i>Yponomeuta padella</i>	0	0	<i>Yponomeuta cagnagella</i>	0,15

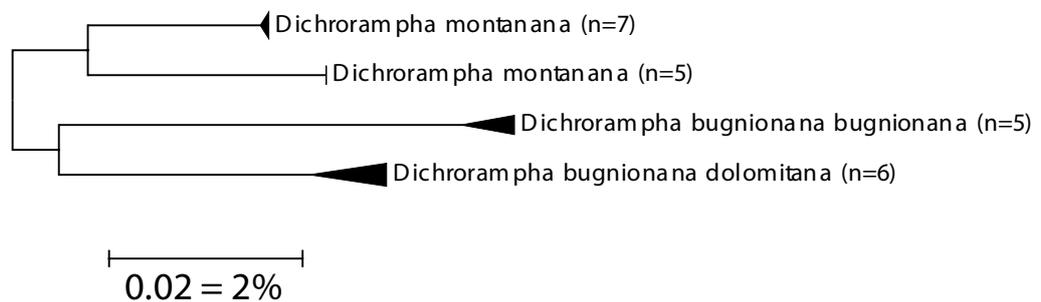
FAMILIE	ART	MEAN	MAX	NÄCHSTER NACHBAR NN	DISTANZ
		INTRA-SP	INTRA-SP		NN
Zygaenidae	<i>Adscita alpina</i>	0,18	0,65	<i>Adscita statures</i>	0,15
Zygaenidae	<i>Adscita statures</i>	0,46	0,46	<i>Adscita alpina</i>	0,15
Nymphalidae	<i>Erebia euryale</i>	0,15	0,31	<i>Erebia ligea</i>	0,16
Nymphalidae	<i>Erebia ligea</i>	0,69	1,34	<i>Erebia euryale</i>	0,16
Crambidae	<i>Catoptria combinella</i>	0,15	0,15	<i>Catoptria petrificella</i>	0,31
Crambidae	<i>Catoptria petrificella</i>	0,1	0,15	<i>Catoptria combinella</i>	0,31
Noctuidae	<i>Mesapamea secalis</i>	0,28	0,48	<i>Mesapamea secalella</i>	0,31
Tortricidae	<i>Apotomis semifasciana</i>	0	0	<i>Apotomis betuletana</i>	0,31
Nymphalidae	<i>Erebia stirius</i>	0	0	<i>Erebia styx</i>	0,32
Nymphalidae	<i>Erebia styx</i>	0,11	0,16	<i>Erebia stirius</i>	0,32
Nymphalidae	<i>Melitaea asteria</i>	0,15	0,31	<i>Melitaea aurelia</i>	0,61
Nymphalidae	<i>Melitaea aurelia</i>	0,08	0,16	<i>Melitaea asteria</i>	0,61
Noctuidae	<i>Euxoa tritici</i>	0,43	1,08	<i>Euxoa obelisca</i>	0,62
Nymphalidae	<i>Brenthis daphne</i>	1,06	1,61	<i>Brenthis ino</i>	0,62
Nymphalidae	<i>Brenthis ino</i>	0,77	1,4	<i>Brenthis daphne</i>	0,62
Tortricidae	<i>Pseudococcyx posticana</i>	0,26	0,61	<i>Pseudococcyx turionella</i>	0,63
Geometridae	<i>Perizoma affinitata</i>	0,1	0,15	<i>Perizoma hydrata</i>	0,64
Geometridae	<i>Perizoma hydrata</i>	0	0	<i>Perizoma affinitata</i>	0,64
Crambidae	<i>Scoparia italica</i>	1,13	2,03	<i>Scoparia manifestella</i>	0,77
Crambidae	<i>Scoparia manifestella</i>	0,08	0,16	<i>Scoparia italica</i>	0,77
Lasiocampidae	<i>Poecilocampa alpina</i>	0,87	2,02	<i>Poecilocampa populi</i>	0,77
Lasiocampidae	<i>Poecilocampa populi</i>	0,68	0,98	<i>Poecilocampa alpina</i>	0,77
Noctuidae	<i>Conistra ligula</i>	N/A	N/A	<i>Conistra vaccinii</i>	0,77
Noctuidae	<i>Conistra vaccinii</i>	0	0	<i>Conistra ligula</i>	0,77
Tortricidae	<i>Apotomis capreana</i>	0,41	1,24	<i>Apotomis sauciana</i>	0,77
Tortricidae	<i>Apotomis sauciana</i>	0,15	0,15	<i>Apotomis capreana</i>	0,77
Tortricidae	<i>Pammene fasciana</i>	0,1	0,16	<i>Pammene herrichiana</i>	0,77
Tortricidae	<i>Pammene herrichiana</i>	0,93	0,93	<i>Pammene fasciana</i>	0,77
Tortricidae	<i>Dichrorampha aeratana</i>	0,55	0,8	<i>Dichrorampha sedatana</i>	0,85
Geometridae	<i>Thera britannica</i>	0,12	0,32	<i>Thera variata</i>	0,93
Geometridae	<i>Thera variata</i>	N/A	N/A	<i>Thera britannica</i>	0,93
Noctuidae	<i>Diachrysia chrysis</i>	0	0	<i>Diachrysia stenochrysis</i>	0,93
Noctuidae	<i>Diachrysia stenochrysis</i>	0,41	0,77	<i>Diachrysia chrysis</i>	0,93

Barcode splits – potentielle kryptische Arten

Versteckte Artenvielfalt oder kryptische Diversität ist in den letzten Jahren bei vielen für Tirol relevanten Schmetterlingen nachgewiesen worden (z.B. HUEMER 2011, HUEMER & HAUSMANN 2009, HUEMER & MUTANEN 2012, MUTANEN et al. 2012a, 2012b, SEGERER et al. 2011). Die Prüfung des sequenzierten Artenbestandes auf mögliche Fälle kryptischer Diversität orientiert sich primär am Ausmaß intraspezifischer Divergenz. Auffallend große Divergenzen, hier werden üblicherweise bei Lepidopteren etwa 2-3% angenommen (HEBERT et al. 2003a, 2003b), deuten auf mögliche versteckte Arten. Solche Fälle müssen daher morphologisch und/oder durch weitere Sequenzen, insbesondere von nuklearen Genen, geprüft werden. So sind abgesehen von tatsächlich kryptischen Arten auch einige andere Möglichkeiten zu berücksichtigen, die zu einer innerartlichen genetischen Divergenz führen können, wie phylogeographische Muster, Introgression oder Wolbachia-Infektion (HURST & JIGGINS 2005, SIMONSEN & HUEMER 2014).

Im Rahmen unserer Studie konnte eine überraschend große Anzahl an überprüfungsbedürftigen intraspezifischen Divergenzen („deep splits“) registriert werden. Insgesamt 22 Arten weisen maximale Divergenzen >5% auf, 40 Arten >4% und 72 Arten >3% (Tab. 4), hinzu kommen noch sehr wahrscheinlich als kryptische Arten zu wertende und aktuell in BOLD als Unterarten geführte Taxa die in Tab. 4 nicht aufgelistet sind, wie z.B. *Dichrorampha bugnionana* (Abb. 7). In einigen weiteren Fällen ist kryptische Diversität nach aktuellem Kenntnisstand ebenfalls sehr wahrscheinlich oder gesichert, jedoch noch unveröffentlicht, so beispielsweise bei *Batrachedra pinicolella* und *Glyphipterix equitella* (Mutanen in litt.) sowie bei *Dichrorampha montanana* (Huemer eigene Daten) (Abb. 7).

Abb. 7: Neighbour-Joining Tree von zwei nominellen Arten der Gattung *Dichrorampha* im Untersuchungsgebiet basierend auf Sequenzen >500 bp. Die Breite der Dreiecke repräsentiert den Probenumfang, die Tiefe die genetische Variabilität innerhalb des Clusters. Beide Arten clustern in jeweils zwei deutlich getrennte Gruppen und umfassen sehr wahrscheinlich kryptische Diversität (Quelle BOLD)



Gerade durch die komplexe phylogeographische Situation des Alpenbogens scheinen aber tiefe genetische Splits nicht immer taxonomisch relevant zu sein. Eines der bereits geklärten und ursprünglich als potentielle kryptische Diversität gedeuteten Muster aus dem Untersuchungsraum betrifft den Hopfenwurzelbohrer (*Hepialus humuli*). Mehrere signifikant unterschiedliche Haplotypengruppen erwiesen sich letztlich als Spiegelbild kaltzeitlicher Isolation und postglazialer Wiederbesiedlungsprozesse innerhalb einer Art (SIMONSEN & HUEMER 2014) (Abb. 8).

Kryptische Arten zeichnen sich auch nicht zwangsläufig durch auffallende Barcode-Divergenzen aus. Belegt wird diese durch vereinzelte Fälle von Barcode-Sharing bzw. Überlappung, vor allem bei phylogenetisch jungen Arten. Selbst konstant geringe Barcode-Divergenzen können auf kryptische Diversität hindeuten. So gilt als sehr wahrscheinlich, dass phänotypisch abweichende und auffallend dunkel gefärbte *Exoteleia dodecella* tatsächlich einer separaten Art angehören. Exemplare beider mutmaßlicher Taxa divergieren im Barcode nur geringfügig, allerdings konstant und ohne Überlappung (Abb. 9).

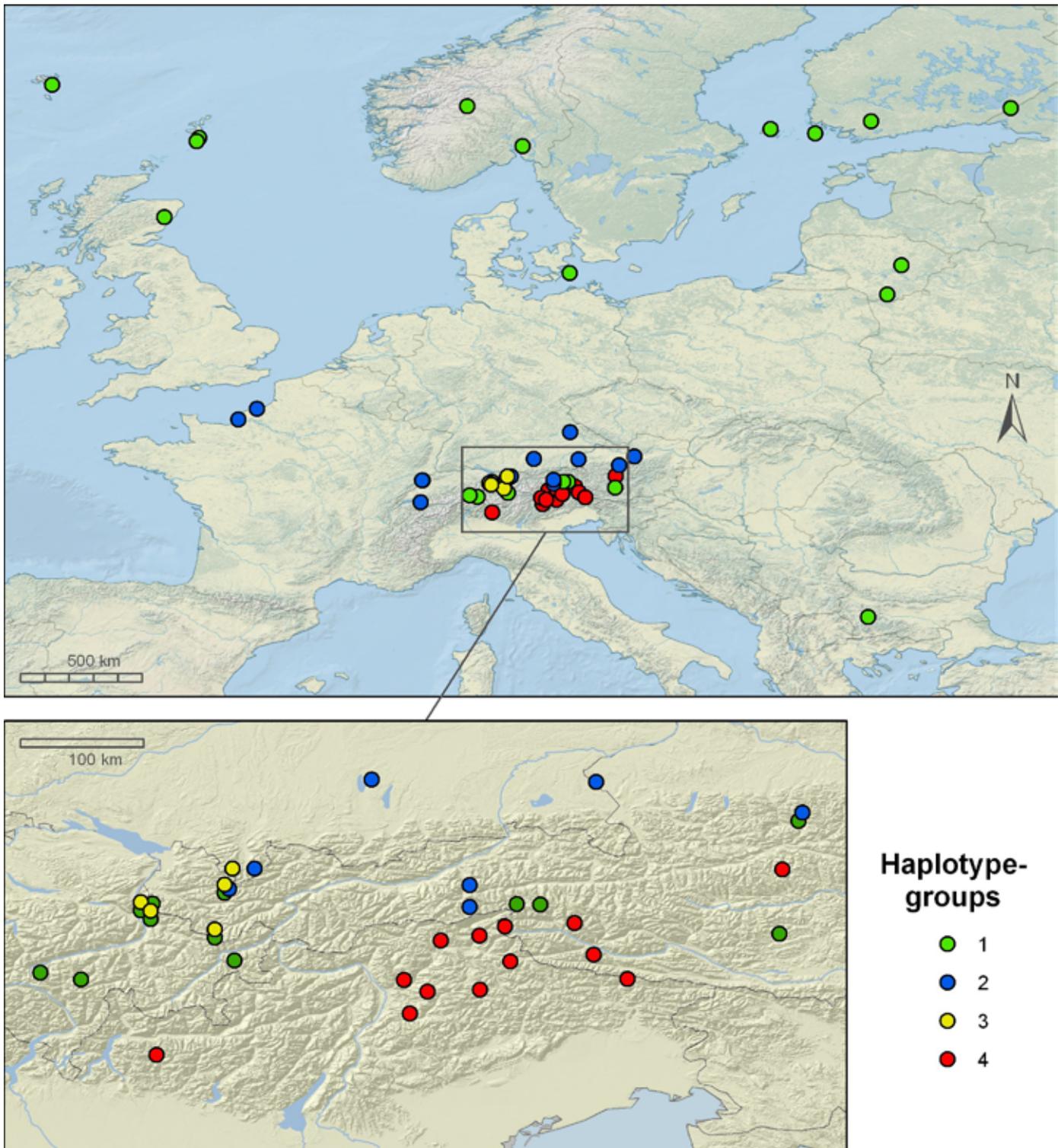


Abb. 8: Der Hopfenwurzelbohrer (*Hepialus humuli*) tritt im Untersuchungsraum in unterschiedlichen genetischen Linien auf, die jedoch nicht separaten Taxa sondern einem phylogeographisch bedingten Muster entsprechen (Quelle SIMONSEN & HUEMER 2014)

Abb. 9: Neighbour-Joining Tree der Gattung *Exoteleia* im Untersuchungsgebiet basierend auf Sequenzen >500 bp. Die Breite der Dreiecke repräsentiert den Probenumfang, die Tiefe die genetische Variabilität innerhalb des Clusters. *Exoteleia dodecella* clustert in zwei Gruppen und umfasst vermutlich eine kryptische Art (Quelle BOLD)

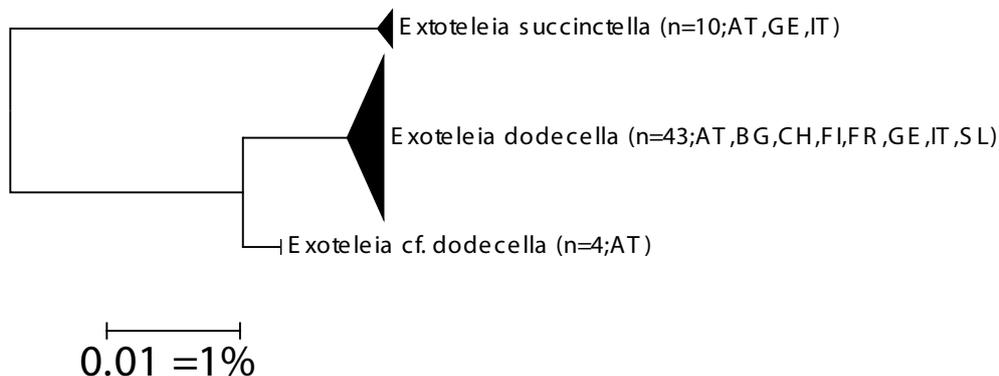


Tabelle 4: Arten mit auffallenden intraspezifischen Divergenzen von mehr als 3%; Reihung nach maximaler intraspezifischer Divergenz (Quelle BOLD)

FAMILY	SPECIES	MEAN INTRASP.	MAX INTRASP.
Oecophoridae	<i>Denisia stipella</i>	1.44	3
Lycaenidae	<i>Polyommatus coridon</i>	1.27	3.11
Gelechiidae	<i>Aroga flavicomella</i>	1.96	3.14
Geometridae	<i>Eupithecia subfuscata</i>	0.97	3.14
Erebidae	<i>Eilema sororcula</i>	1.6	3.27
Crambidae	<i>Uresiphita gilvata</i>	3.29	3.29
Psychidae	<i>Typhonia ciliaris</i>	3.3	3.3
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter oxyacanthae</i>	3.31	3.31
Geometridae	<i>Ascotis selenaria</i>	3.34	3.34
Psychidae	<i>Narycia duplicella</i>	1.94	3.41
Epermeniidae	<i>Epermenia pontificella</i>	2.43	3.46
Tortricidae	<i>Ptycholoma lecheana</i>	2.31	3.46
Tineidae	<i>Infurcitinea ignicomella</i>	1.56	3.47
Tortricidae	<i>Epinotia nisella</i>	1.99	3.47
Crambidae	<i>Agriphila tristella</i>	1.64	3.48
Hesperiidae	<i>Thymelicus sylvestris</i>	1.62	3.62
Gelechiidae	<i>Caryocolum schleichi improvisella</i>	2.36	3.63
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter roboris</i>	2.06	3.63
Tortricidae	<i>Pseudargyrotoza conwagana</i>	2.41	3.63
Pterophoridae	<i>Hellinsia tephradactyla</i>	1.24	3.64
Pyralidae	<i>Pyralis farinalis</i>	2.26	3.65
Gelechiidae	<i>Eulamprotes libertinella</i>	1.83	3.72
Noctuidae	<i>Conisania luteago</i>	2.62	3.78
Erebidae	<i>Coscinia cribraria</i>	1.84	3.79
Pyralidae	<i>Phycitodes binaevella</i>	2.52	3.79
Ypsolophidae	<i>Ypsolopha sequella</i>	1.9	3.79
Gelechiidae	<i>Teleiodes flavimaculella</i>	2.54	3.8
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter maestingella</i>	1.56	3.83
Geometridae	<i>Epirrita autumnata</i>	1.82	3.92
Geometridae	<i>Eupithecia plumbeolata</i>	2.08	3.95
Geometridae	<i>Sciadia tenebraria</i>	2.63	3.95
Tortricidae	<i>Philedonides lunana</i>	3.84	3.95
Tortricidae	<i>Notocelia cynosbatella</i>	2.34	4.12
Noctuidae	<i>Mythimna ferrago</i>	2.75	4.13
Cossidae	<i>Cossus cossus</i>	1.88	4.14
Geometridae	<i>Pasiphila rectangulata</i>	2.13	4.26
Crambidae	<i>Agriphila straminella</i>	1.8	4.28
Erebidae	<i>Lygephila craccae</i>	2.82	4.29

FAMILY	SPECIES	MEAN INTRASP.	MAX INTRASP.
Gelechiidae	<i>Parachronistis albiceps</i>	2.75	4.29
Psychidae	<i>Psyche crassiorella</i>	2.35	4.29
Crambidae	<i>Eudonia murana</i>	1.85	4.37
Gelechiidae	<i>Stomopteryx remissella</i>	2.08	4.43
Geometridae	<i>Rhodostrophia vibicaria</i>	2.3	4.44
Tortricidae	<i>Dichrorampha montanana</i>	2.35	4.46
Pyrilidae	<i>Delplanqueia dilutella</i>	1.07	4.61
Hepialidae	<i>Hepialus humuli</i>	1.22	4.81
Noctuidae	<i>Hoplodrina octogenaria</i>	2.12	4.85
Coleophoridae	<i>Coleophora nubivagella</i>	2.58	4.93
Geometridae	<i>Eupithecia satyrata</i>	1.54	4.94
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter salictella</i>	2.35	4.94
Tortricidae	<i>Epinotia immundana</i>	1.27	5.11
Nymphalidae	<i>Melitaea athalia</i>	2.26	5.14
Zygaenidae	<i>Zygaena filipendulae</i>	2.65	5.28
Geometridae	<i>Perconia strigillaria</i>	3.53	5.29
Gelechiidae	<i>Acompsia tripunctella</i>	2.59	5.39
Tineidae	<i>Infurcitinea roesslerella</i>	3.53	5.39
Tineidae	<i>Monopis laevigella</i>	1.66	5.41
Geometridae	<i>Elophos zelleraria</i>	3.47	5.44
Tortricidae	<i>Lobesia virulenta</i>	3.63	5.45
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter ulmifoliella</i>	2.59	5.77
Gelechiidae	<i>Chionodes fumatella</i>	3.24	5.95
Gelechiidae	<i>Eulamprotes wilkella</i>	3.17	5.95
Gracillariidae	<i>Parornix anglicella</i>	3.17	5.95
Geometridae	<i>Alcis repandata</i>	3.97	5.96
Coleophoridae	<i>Coleophora milvipennis</i>	2.68	5.98
Geometridae	<i>Ectropis crepuscularia</i>	3.51	6.62
Batrachedridae	<i>Batrachedra pinicolella</i>	2.76	6.9
Geometridae	<i>Hypomecis punctinalis</i>	4.84	7.43
Pieridae	<i>Colias palaeno</i>	4.47	8.18
Autostichidae	<i>Oegoconia uralskella</i>	4.9	8.58
Geometridae	<i>Perizoma incultaria</i>	6.19	9.46
Glyphipterigidae	<i>Glyphipterix equitella</i>	6.15	9.97

Neue Arten für die Wissenschaft

DNA Barcoding erwies sich für die taxonomische Abgrenzung gleich mehrerer im Rahmen des Projektes neu beschriebener Arten als äußerst hilfreich. *Callisto basistrigella* (Abb. 10) und *Caryocolum crypticum* galten bereits seit mehr als 20 Jahren als zweifelhafte, morphologische abweichende Formen. Durch die nunmehr erstmals vorliegenden genetischen Daten konnte die Artspezifität beider Taxa eindeutig belegt werden (HUEMER et al. 2014a, KIRICHENKO et al. 2015). Etliche weitere im Projektzeitraum beschriebene Arten mit Vorkommen in Südtirol sind ebenfalls mittels DNA-Barcoding abgesichert: *Eulamprotes baldizzoni*, *Agonopterix medelichensis*, *Coleophora mareki* (BUCHNER 2015, HUEMER et al. 2013, TABELL & BALDIZZONE 2014). Die Beschreibung von *Elachista implana* basiert hingegen ausschließlich auf morphologischen Merkmalen (KAILA et al. 2015). Auch von der ebenfalls als neu erkannten *Sattleria dolomitica* liegen zwar noch keine Barcodes vor, jedoch wurde der *Sattleria*-Artenkomplex erst mit Hilfe von DNA-Barcoding überzeugend revidiert (HUEMER & HEBERT 2011, HUEMER & TIMOSSI 2014).

Abb. 10: *Callisto basistrigella* ist eine im Rahmen des Tiroler Barcodingprojektes neu beschriebene Art (Foto TLM/Stefan Heim)



DNA Barcoding und Landesfaunistik

Die Förderung der faunistischen Forschung durch Barcoding-Ergebnisse wurde rezent in benachbarten Regionen mehrfach belegt (HUEMER & HEBERT 2015, HASLBERGER et al. 2012a, 2012 b, SEGERER et al. 2011, 2012, 2013a, 2013b). Ebenso eindrucksvoll ist aber auch der Beitrag des Tiroler Barcodingprojektes zur Landesfaunistik, besonders angesichts des bislang vermuteten exzellenten Durchforschungsgrades der regionalen Schmetterlingsfauna (Tab. 5). Insgesamt wurden im Rahmen unserer Studie 77 Neufunde für Südtirol und 21 für Tirol veröffentlicht (HUEMER 2014, 2016, HUEMER et al. 2014b, 2015). Darüber hinaus wurden 41 Arten erstmals aus Nordtirol und 2 aus Osttirol gemeldet. Besonders beachtlich ist der Artenzuwachs aber auch auf überregionaler Ebene. 19 Schmetterlingsarten erwiesen sich als Erstfunde für Italien, 6 Arten wurden neu für Österreich belegt. *Elachista deriventa* und *Chrysoclista gabretica* waren selbst aus Mitteleuropa noch unbekannt.

Die Ursachen für den enormen Zuwachs an Arten sind jedoch multifaktoriell bedingt und nicht alleine auf die Nutzung genetischer Methoden zurückzuführen. In den letzten Jahren wurden vermehrt zusätzliche und für bestimmte Lepidopterenengruppen besonders attraktive Lichtquellen eingesetzt. Leuchtpyramiden mit stark im UV-Bereich abstrahlenden Leuchtmitteln und feinmaschiger fluoreszierender Gaze erwiesen sich für viele mit herkömmlichem Lichtfang unterrepräsentierte Gruppen als ideal. Insbesondere kleine und wenig flugtaugliche Arten, z.B. aus den Familien Nepticulidae, Gracillariidae und Elachistidae, konnten so verstärkt nachgewiesen werden. Darüber hinaus wurden aber auch viele durch ihre Habitatausstattung interessant erscheinende Lokalitäten vermehrt bzw. teils überhaupt erstmals beprobt. Nicht zuletzt Dank dieses intensiven, regional und nicht lokal ausgelegten Beprobungsplanes wurden die meisten Neufunde überhaupt erst möglich. DNA Barcoding selber hat jedoch entscheidend geholfen, viele kryptische Arten mit überschaubarem Aufwand, jedoch großer Präzision in der Determination zu erkennen. So wurde beispielsweise die oben genannte und bisher nur aus dem südlichen Nordeuropa bekannte *Elachista deriventa* mit Hilfe der globalen Datenbank BOLD und

dort bereits präsenter Barcodes determiniert sowie die Bestimmung auf Grund der Bedeutung des Fundes in einem weiteren Arbeitsschritt morphologisch abgesichert. Aber auch bisher fehdeterminierte Arten aus bereits existentem Sammlungsmaterial konnten erst durch genetische Überprüfung korrigiert werden, so u.a. *Chrysoclista gabretica* (Abb. 11) als Neufund für den Alpenraum.



Abb. 11: *Chrysoclista gabretica* wurde im Rahmen der Studie erstmals im Alpenraum nachgewiesen, bisher galt dieses Taxon als Unterart der hier abgebildeten *Chrysoclista abchasica* (Aquarell Sjaak Koster)

FAMILIE	GATTUNG/ART	ERST-MELDUNG					QUELLE
Argyresthiidae	<i>Argyresthia illuminatella</i> ZELLER, 1839				NT	T	H. (2014)
Argyresthiidae	<i>Argyresthia pulchella</i> (LINNAEUS, 1758)	ST					H. (2016)
Argyresthiidae	<i>Argyresthia svenssoni</i> BENGTSS. & JOHANSSON, 2012				NT	T	H. (2014)
Autostichidae	<i>Apatema whalleyi</i> (POPESCU-GORJ & CAPUSE, 1965)	ST					H. (2016)
Blastobasidae	<i>Blastobasis pannonica</i> SUMPICH & LISKA, 2011	ST	IT	NT			H. (2014)
Bucculatricidae	<i>Bucculatrix clavenae</i> KLIMESCH, 1950	ST					H. (2014)
Bucculatricidae	<i>Bucculatrix demaryella</i> (DUPONCHEL, 1840)				NT	T	H. (2016)
Bucculatricidae	<i>Bucculatrix fatigatella</i> HEYDEN, 1863	ST					H. (2014)
Bucculatricidae	<i>Bucculatrix regaella</i> CHRÉTIEN, 1907	ST	IT				H. (2014)
Choreutidae	<i>Prochoreutis sehestediana</i> (FABRICIUS, 1776)	ST					H. (2016)
Coleophoridae	<i>Coleophora betulella</i> HEINEMANN, 1877	ST			NT		H. (2014)
Coleophoridae	<i>Coleophora bilineella</i> HERRICH-SCHÄFFER, 1855	ST					H. (2014)
Coleophoridae	<i>Coleophora eupreta</i> WALSINGHAM, 1907	ST					H. (2014)
Coleophoridae	<i>Coleophora meridonella</i> REBEL, 1912	ST					H. (2016)
Coleophoridae	<i>Coleophora silenella</i> HERRICH-SCHÄFFER, 1855				NT	T	H. (2016)
Coleophoridae	<i>Coleophora striatipennella</i> (NYLANDER, 1848)				NT		H. (2016)
Coleophoridae	<i>Coleophora tamesis</i> WATERS, 1929				NT	T	H. (2014)
Coleophoridae	<i>Coleophora virgaureae</i> STANTON, 1857				NT		H. (2014)
Cosmopterigidae	<i>Sorhagenia janiszewskae</i> RIEDL, 1962	ST					H. (2014)

Tabelle 5: Erstmeldungen von Schmetterlingen aus Südtirol/Tirol
Abkürzungen: ST = Südtirol, IT = Italien, NT = Nordtirol, OT = Osttirol, T = Tirol, AT = Österreich;
H. = Huemer

FAMILIE	GATTUNG/ART	ERST-MELDUNG				QUELLE
Crambidae	<i>Antigastra catalaunalis</i> (DUPONCHEL, 1833)			NT		H. (2016)
Crambidae	<i>Evergestis caesialis</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1849)	ST				H. (2014)
Depressariidae	<i>Agonopterix cluniana</i> HUEMER & LVOVSKY, 2000	ST	IT			H. (2016)
Depressariidae	<i>Agonopterix pupillana</i> (WOCKE, 1887)	ST				H. (2016)
Depressariidae	<i>Depressaria silesiaca</i> HEINEMANN, 1870	ST				H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista albidella</i> NYLANDER, 1848	ST				H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista deriventa</i> KAILA & MUTANEN, 2008			NT	T AT	H. (2016)
Elachistidae	<i>Elachista diderichsiella</i> E. HERING, 1889	ST	IT			H. (2016)
Elachistidae	<i>Elachista disertella</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1855)	ST		NT		H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista excelsicola</i> BRAUN, 1948	ST	IT			H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista galactitella</i> (EVERSMANN, 1844)	ST				H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista littorcola</i> LE MARCHAND, 1938	ST				H. (2016)
Elachistidae	<i>Elachista metella</i> KAILA, 2002	ST				H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista occidentalis</i> FREY, 1882			NT		H. (2016)
Elachistidae	<i>Elachista pollinariella</i> ZELLER, 1839			NT		H. (2014)
Elachistidae	<i>Elachista spumella</i> CARADJA, 1920	ST	IT			H. (2016)
Elachistidae	<i>Elachista tetragonella</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1855)	ST				H. (2016)
Epermeniidae	<i>Epermenia ochreomaculellus</i> (MILLIÈRE, 1854)	ST				H. (2016)
Eriocraniidae	<i>Eriocrania alpinella</i> BURMANN, 1958	ST	IT			H. (2016)
Eriocraniidae	<i>Eriocrania sangii</i> (WOOD, 1891)	ST	IT			H. (2014)
Gelechiidae	<i>Caryocolum pullatella</i> (TENGGSTRÖM, 1848)	ST				H. (2016)
Gelechiidae	<i>Metzneria aprilella</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1854)	ST				H. (2014)
Gelechiidae	<i>Metzneria artificella</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1861)	ST				H. (2014)
Gelechiidae	<i>Metzneria metzneriella</i> (STANTON, 1851)			NT		H. (2014)
Gelechiidae	<i>Mirificarma lentiginosella</i> (ZELLER, 1839)	ST				H. (2014)
Gelechiidae	<i>Monochroa parvulata</i> (GOZMÁNY, 1957)	ST				H. (2014)
Gelechiidae	<i>Neofriseria peliella</i> (TREITSCHKE, 1835)			NT		H. (2016)
Gelechiidae	<i>Scrobipalpa pauperella</i> (HEINEMANN, 1870)	ST				H. (2014)
Gelechiidae	<i>Scrobipalpa perinii</i> (KLIMESCH, 1951)	ST				H. (2014)
Gelechiidae	<i>Scrobipalpa reiprichi</i> POVOLNY, 1984	ST	IT			H. (2016)
Gelechiidae	<i>Syncopacma ochrofasciella</i> (TOLL, 1936)	ST	IT			H. (2016)
Gelechiidae	<i>Thiotricha majorella</i> (REBEL, 1910)			NT	T AT	H. (2014)
Geometridae	<i>Dyscia raunaria</i> (FREYER, 1852)	ST				H. (2014)
Geometridae	<i>Eupithecia ochridata</i> SCHÜTZE & PINKER, 1968	ST		NT	T	H. (2014)
Geometridae	<i>Gnophos dumetata</i> TREITSCHKE, 1827	ST				H. (2014)
Geometridae	<i>Perizoma juracolaria</i> (WEHRLI, 1919)			NT	T AT	H. et al. (2015)
Gracillariidae	<i>Aspilaptery inquinata</i> TRIBERTI, 1985	ST		NT		H. (2014)
Gracillariidae	<i>Caloptilia honoratella</i> (REBEL, 1914)			NT	T	H. (2016)

FAMILIE	GATTUNG/ART	ERST-MELDUNG					QUELLE
Gracillariidae	<i>Caloptilia semifascia</i> (HAWORTH, 1828)	ST					H. (2016)
Gracillariidae	<i>Parornix betulae</i> (STANTON, 1854)			NT			H. (2014)
Gracillariidae	<i>Parornix pfaffenzelleri</i> (FREY, 1856)	ST					H. (2016)
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter insignitella</i> (ZELLER, 1846)	ST					H. (2014)
Gracillariidae	<i>Phyllonorycter tristrigella</i> (ZELLER, 1846)	ST					H. (2016)
Lyonetiidae	<i>Leucoptera spartifoliella</i> (HUBNER, 1813)	ST					H. (2014)
Lypusidae	<i>Pseudatemelia elsae</i> SVENSSON, 1982	ST					H. (2014)
Momphidae	<i>Mompha idaei</i> (ZELLER, 1839)	ST					H. (2016)
Momphidae	<i>Mompha lacteella</i> (STEPHENS, 1834)			NT			H. (2014)
Momphidae	<i>Mompha terminella</i> (HUMPHREYS & WESTW., 1845)	ST	IT				H. (2016)
Nepticulidae	<i>Stigmella rolandi</i> VAN NIEUKERKEN, 1990	ST					H. (2014)
Nepticulidae	<i>Stigmella sorbi</i> (STANTON, 1861)	ST	IT				H. (2014)
Nepticulidae	<i>Stigmella thuringiaca</i> (PETRY, 1904)	ST					H. (2014)
Nepticulidae	<i>Ectoedemia louisella</i> (SIRCOM, 1849)	ST					H. (2016)
Nepticulidae	<i>Ectoedemia reichli</i> Z. & A. LASTUVKA, 1998	ST					H. (2016)
Nepticulidae	<i>Stigmella incognitella</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1855)			NT			H. (2016)
Nepticulidae	<i>Stigmella svenssoni</i> (JOHANSSON, 1971)	ST					H. (2016)
Nepticulidae	<i>Stigmella vimineticola</i> (FREY, 1856)	ST		NT		T	H. (2016)
Nepticulidae	<i>Trifurcula eurema</i> (TUTT, 1899)			NT		T	H. (2016)
Noctuidae	<i>Apamea aquila</i> DONZEL, 1837	ST					H. (2014)
Noctuidae	<i>Mesapamea remmi</i> REZBANYAI-RESER, 1985	ST					H. (2016)
Noctuidae	<i>Oligia dubia</i> (HEYDEMANN, 1942)	ST					H. (2014)
Noctuidae	<i>Xestia viridescens</i> (TURATI, 1919)			NT		T AT	H. (2016)
Parametriotidae	<i>Chrysoclista gabretica</i> ŠUMPICH, 2012	ST	IT	NT		T AT	H. (2016)
Parametriotidae	<i>Chrysoclista lathamella</i> FLETCHER, 1936	ST	IT				H. (2016)
Plutellidae	<i>Plutella porrectella</i> (LINNAEUS, 1758)	ST					H. (2016)
Plutellidae	<i>Rhigognostis schmaltzella</i> (ZETTERSTEDT, 1839)	ST	IT				H. et al. (2014)
Praydidae	<i>Prays citri</i> (MILLIÈRE, 1873)			NT		T AT	H. (2016)
Prodoxidae	<i>Lampronia capitella</i> (CLERCK, 1759)	ST	IT				H. (2016)
Psychidae	<i>Siederia listerella</i> (LINNAEUS, 1758)			NT			H. (2014)
Pterophoridae	<i>Stenoptilia annadactyla</i> SUTTER, 1988	ST		NT			H. (2014)
Pyalidae	<i>Acrobasis bithynella</i> ZELLER, 1848	ST					H. (2016)
Pyalidae	<i>Merulempista cingillella</i> (ZELLER, 1846)			NT			H. (2016)
Scythrididae	<i>Scythris crassiuscula</i> (HERRICH-SCHÄFFER, 1855)	ST					H. (2016)
Tineidae	<i>Monopis neglecta</i> ŠUMPICH & LISKA, 2011				OT	T	H. (2016)
Tineidae	<i>Montetinea montana</i> PETERSEN, 1957	ST					H. (2016)
Tineidae	<i>Oinophila v-flava</i> (HAWORTH, 1828)			NT		T	H. (2014)
Tineidae	<i>Tinea steueri</i> PETERSEN, 1966			NT		T	H. (2014)

FAMILIE	GATTUNG/ART	ERST-MELDUNG						QUELLE
Tortricidae	<i>Acleris lacordairana</i> (DUPONCHEL, 1836)				NT		T	H. (2016)
Tortricidae	<i>Acleris roscidana</i> (HÜBNER, 1799)	ST						H. (2014)
Tortricidae	<i>Aethes caucasica</i> (AMSEL, 1959)	ST						H. (2014)
Tortricidae	<i>Cydia cythisanthana</i> BURMANN & PROSE, 1988	ST						H. (2014)
Tortricidae	<i>Cydia exquisitana</i> (REBEL, 1899)	ST						H. (2014)
Tortricidae	<i>Cydia grunertiana</i> (RATZEBURG, 1868)	ST	IT	NT				H. (2016)
Tortricidae	<i>Dichrorampha tarmanni</i> HUEMER, 2009	ST						H. (2016)
Tortricidae	<i>Grapholita caecana</i> (SCHLÄGER, 1847)				NT			H. (2016)
Tortricidae	<i>Grapholita gemmiferana</i> (TREITSCHKE, 1835)					OT		H. (2016)
Tortricidae	<i>Lobesia virulenta</i> BAE & KOMAI, 1991	ST	IT	NT			T	H. (2014,2016)
Tortricidae	<i>Olethreutes subtilana</i> (FALKOVITSH, 1962)				NT		T	H. (2014)
Tortricidae	<i>Phalonidia gilvicomana</i> (ZELLER, 1847)	ST						H. (2014)
Tortricidae	<i>Retinia perangustana</i> (SNELLEN, 1883)	ST	IT	NT				H. (2016)
Zygaenidae	<i>Jordanita subsolana</i> (STAUDINGER, 1862)				NT			H. (2016)

Dank

Das Studie wurde dankenswerterweise durch die Autonome Provinz Bozen - Südtirol, Abteilung Bildungsförderung, Universität und Wissenschaft im Rahmen des Projektes „Erstellung einer DNA-Barcode-Bibliothek der Schmetterlinge des zentralen Alpenraumes (Autonome Provinz Bozen - Südtirol; Land Tirol)“ wesentlich gefördert. Für die begleitende Unterstützung dieses Projektes gebührt insbesondere Direktor Dr. Vito Zingerle, Dr. Evelyn Kustatscher und Mag. Petra Kranebitter herzlichster Dank. Ein weiterer wichtiger monetärer Beitrag stammt vom Bundesministerium für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft im Rahmen des ABOL-Projektes (Austrian Barcode of Life).

Besonderen Dank schulden wir dem großartigen Team des Canadian Centre of DNA-Barcoding (Guelph, Ontario, Kanada) sowie dem BOLD Management & Analysis System und Genome Canada (Ontario Genomic Institute) für Sequenzierungen und deren Co-Finanzierung im Rahmen des iBOL-Projektes sowie Datenbankanalysen. Sequenzanalysen wurden durch Finanzmittel von Genome Canada über das Ontario Genomics Institute als Unterstützung des International Barcode of Life Projektes ermöglicht. Schließlich gebührt dem Ontario Ministry of Research and Innovation für die Unterstützung von BOLD herzlicher Dank.

Dr. Dirk Steinke sowie Dr. Axel Hausmann danken wir für hilfreiche Kommentare zum Manuskript.

Zahlreiche Kollegen unterstützten lebenswürdigerweise die Arbeiten mit Material und/oder Sequenzen: Helmut Deutsch, Mag. Andreas Eckelt, Dipl. Biol. Sven Erlacher, Dipl. Vw. Siegfried Erlebach, Raimund Franz, Dr. Axel Hausmann, Mag. Kurt Lechner, Dr. Bernd Müller, Dr. Marko Mutanen, Alfred Otter, Sven Plattner, Dr. Franz Pühringer, Dr. Andreas Segerer, Herbert Seelaus, Dr. Gerhard Tarmann, Dr. Carlos Lopez-Vaamonde, Dr. Christian Wieser und Benjamin Wiesmair M.Sc.

Sjaak Koster half lebenswürdigerweise mit einem Originalaquarell, Stefan Heim war mit photographischer Dokumentation eine Stütze, Mag. Hannes Kühtreiber bei der Datenbearbeitung für BOLD.

Last but not least danken wir dem Direktor der Tiroler Landesmuseen, Dr. Wolfgang Meighörner, für seine zukunftsweisende Unterstützung des genetischen Forschungszweiges.

Literaturverzeichnis

- BUCHNER P., 2015: Two new species of *Agonopterix* (Depressariidae, Lepidoptera) from Europe. *Zootaxa*, 3986 (1): 101–114. <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.3986.1.5>.
- DEWAARD J.R., IVANOVA N.V., HAJIBABAEI M. & HEBERT P.D.N., 2008: Assembling DNA Barcodes: Analytical Protocols. Pp. 275-293. – In: Cristofre M. (Hrsg.), *Methods in Molecular Biology: Environmental Genetics*. Humana Press Inc., Totowa, USA, 364 pp.
- FROBEL K. & SCHLUMPRECHT H., 2014: Erosion der Artenkenner, Unveröff. Abschlussbericht im Auftrag des BUND Naturschutz in Bayern e.V. iii + 92 pp.
- GUENIN R., 1997) *Adscita alpina*. – In: Pro Natura – Schweizerischer Bund für Naturschutz (Hrsg.) (1997): Schmetterlinge und ihre Lebensräume. Arten, Gefährdung, Schutz. Schweiz und angrenzende Gebiete. Fotorotar AG, Egg, Band 2: 421-423.
- HASLBERGER A., GRÜNEWALD T., LICHTMANNECKER P., HEINDEL R. & SEGERER A.H., 2012a: Bemerkenswerte Schmetterlingsfunde aus Bayern im Rahmen des Projektes Barcoding Fauna Bavarica – 2. Beitrag (Insecta: Lepidoptera). *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen*, 61: 60-70.
- HASLBERGER A., LICHTMANNECKER P., HEINDEL R., GRÜNEWALD T. & SEGERER A.H., 2012b: Bemerkenswerte Schmetterlingsfunde aus Bayern im Rahmen laufender Projekte zur genetischen Re-Identifikation heimischer Tierarten (BFB, GBOL) – 5. Beitrag (Insecta: Lepidoptera: Gracillariidae, Coleophoridae, Gelechiidae). *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen*, 63: 10-13.
- HAUSMANN A., HASZPRUNAR G. & HEBERT P.D.N., 2011a: DNA barcoding the geometrid fauna of Bavaria (Lepidoptera): Successes, surprises, and questions. *PLoS ONE*. 6(2): e17134. doi:10.1371/journal.pone.0017134.
- HAUSMANN A., HASZPRUNAR G., SEGERER A.H., SPEIDEL W., BEHOUNEK G. & HEBERT P.D.N., 2011b: Now DNA-barcoded: The butterflies and larger moths of Germany (Lepidoptera: Rhopalocera, Macroheterocera). *Spixiana*, 34: 47-58.
- HAUSMANN A. & VIDALEPP J., 2012: Larentiinae I. In: Hausmann A. (Hrsg.): *The Geomtrid Moths of Europe* 3: 1-743.
- HEBERT P.D.N., CYWINSKA A., BALL S.L., DEWAARD J.R., 2003a: Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B* 270: 313-321.
- HEBERT P.D.N., RATNASINGHAM S. & DEWAARD J.R., 2003b: Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London Series B*, 270 (Supplement): 96-99.
- HEBERT P.D.N., DEWAARD J.R. & LANDRY J.F., 2009: DNA barcodes for 1/1000 of the animal kingdom. *Biology Letters*, 6: 359-362. doi: 10.1098/rsbl.2009.084
- HUEMER P., 1996: Schmetterlinge – Lepidoptera. In: Hellrigl K. (Hrsg.). *Die Tierwelt Südtirols*, p. 532-618.
- HUEMER P., 2011: Pseudo-endemism and cryptic diversity in Lepidoptera – case studies from the Alps and the Abruzzi. *eco.mont*, 3(1): 11-18.
- HUEMER P., 2013: *Die Schmetterlinge Österreichs (Lepidoptera)*. Systematische und faunistische Checkliste. Studiohefte 12, Innsbruck, 304 pp.
- HUEMER P., 2014: DNA-Barcoding der Schmetterlinge (Lepidoptera) des zentralen Alpenraumes (Tirol, Südtirol) – faunistische Neufunde. *Wissenschaftliches Jahrbuch der Tiroler Landesmuseen*, 7: 188-201.
- HUEMER P., 2016: DNA-Barcoding der Schmetterlinge (Lepidoptera) des zentralen Alpenraumes (Tirol, Südtirol) – weitere faunistische Landesneufunde. *Wissenschaftliches Jahrbuch der Tiroler Landesmuseen*, 9: (im Druck).
- HUEMER P., ELSNER G. & KARSHOLT O., 2013: Review of the *Eulamprotes wilkella* species-group based on morphology and DNA barcodes, with descriptions of new taxa (Lepidoptera, Gelechiidae). *Zootaxa*, 3746 (1): 069-100.
- HUEMER P., FRIEBE J.G., WIESMAIR B., MAYR T., HIERMANN U. & SIEGEL Ch., 2015: Zur Verbreitung von *Perizoma juracolaria* (Lepidoptera, Geometridae, Larentiinae) – Erstnachweise aus Österreich, Liechtenstein und Italien. *inatura – Forschung online*, 25: 9 pp.
- HUEMER P. & HAUSMANN A., 2009: A new expanded revision of the European high mountain *Sciadia tenebraria* species group (Lepidoptera, Geometridae). *Zootaxa*, 2117: 1-30.
- HUEMER P. & HEBERT P.D.N., 2011: Cryptic diversity and morphology of high alpine *Sattleria* – a case study combining DNA barcodes and morphology (Lepidoptera: Gelechiidae). *Zootaxa*, 2981: 1-22.
- HUEMER P. & HEBERT P.D.N., 2012: DNA-Barcoding von Schmetterlingen (Lepidoptera) in Waldstandorten Südtirols (IT01 Ritten und IT02 Montiggel). *Forest Observer*, 6: 75-98.
- HUEMER P. & HEBERT P.D.N., 2015: DNA-Barcoding der Schmetterlinge (Lepidoptera) Vorarlbergs (Österreich) – Erkenntnisse und Rückschlüsse. *inatura – Forschung online*, 15: 36 pp.
- HUEMER P. & MUTANEN M., 2012: Taxonomy of spatially disjunct alpine *Teleiopsis albifemorella* s. lat. (Lepidoptera: Gelechiidae) revealed by molecular data and morphology – How many species are there? *Zootaxa*, 3580:1-23.
- HUEMER P., KARSHOLT O. & MUTANEN M., 2014a: DNA barcoding as a screening tool for potential unrecognized cryptic diversity exemplified by the genus *Caryocolum*, with description of a new species (Lepidoptera, Gelechiidae). *ZooKeys*, 404: 91-111. DOI:10.3897/zookeys.404.7234.
- HUEMER P. & TIMOSI G., 2014: *Sattleria* revisited: Unexpected cryptic diversity on the Balkan Peninsula and in the south-eastern Alps (Lepidoptera: Gelechiidae). *Zootaxa*, 3780(2): 282-296. DOI:10.11646/zootaxa.3780.2.4
- HUEMER P., WIESER C. & MUTANEN M., 2014b: *Rhigognostis scharnikensis* sp. n., eine morphologisch und genetisch differenzierte neue Schmetterlingsart aus den Hohen Tauern (Lepidoptera, Plutellidae). *Carinthia II*, 204./124.: 443-454.
- HURST G.D.D. & JIGGINS F.M., 2005: Problems with mitochondrial DNA as a marker in population, phylogeographic and phylogenetic studies: the effects of inherited symbionts. *Proceedings of the Royal Society Biological Sciences Series B*, 272: 1525-1534.

- KAILA L., BARAN T. & MUTANEN M., 2015: A revision of the *Elachista dispilella* complex (Lepidoptera: Gelechioidea: Elachistidae). *Zootaxa* 3963 (4): 517-560.
- KIRICHENKO N., HUEMER P., DEUTSCH H., TRIBERTI P., ROUGERIE R. & LOPEZ-VAAMONDE C., 2015: Integrative taxonomy reveals a new species of *Callisto* (Lepidoptera, Gracillariidae) in the Alps. *ZooKeys*, 473: 157-176. doi: 10.3897/zookeys.473.8543.
- LANDRY J.-F., NAZARI V., DEWAARD J., MUTANEN M., LOPEZ VAAMONDE C., HUEMER P. & HEBERT P.D.N., 2013: Shared but overlooked: 30 species of Holarctic Microlepidoptera revealed by DNA barcodes and morphology. *Zootaxa*, 3749(1): 001-093. DOI:10.11646/zootaxa.3749.1.1.
- MORITZ C. & CICERO C., 2004: DNA barcoding: Promise and pitfalls. *PLoS Biology*, 2 (10): 1529-1531. doi:10.1371/journal.pbio.0020354. PMC 519004.
- MUTANEN M., AARVIK L., LANDRY J.-F., SEGERER A. & KARSHOLT O., 2012a: *Epinotia cinereana* (Haworth, 1811) bona sp., a Holarctic tortricid distinct from *E. nisella* (Clerck, 1759) (Lepidoptera: Tortricidae: Eucosmini) as evidenced by DNA barcodes, morphology and life history. *Zootaxa*, 3318: 1-25.
- MUTANEN M., AARVIK L., HUEMER P., KAILA L., KARSHOLT O. & TUCK K., 2012b: DNA barcodes reveal that the widespread European tortricid moth *Phalonidia manniana* (Lepidoptera: Tortricidae) is a mixture of two species. *Zootaxa*, 3262: 1-21.
- MUTANEN M., KEKKONEN M., PROSSER S., HEBERT P.D.N. & KAILA L., 2014: One species in eight: DNA barcodes from type specimens resolve a taxonomic quagmire. *Molecular Ecology Resources*, 12/2014; DOI: 10.1111/1755-0998.12361.
- RATNASINGHAM S. & HEBERT P.D.N., 2007: BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7: 355-364.
- RATNASINGHAM S. & HEBERT P.D.N., 2013: A DNA-based registry for all animal species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLoS ONE* 8(7): e66213. doi:10.1371/journal.pone.0066213
- REZBANYAI-RESER L., 2011: *Mesapamea*-Studien XIII. Bemerkungen zum zurzeit grundlos angenommenen Hybridenstatus von *Mesapamea remmi* Reszbanyai-Reser, 1985 sowie neue Funddaten der Art (Lepidoptera: Noctuidae). *Lepidopterologische Mitteilungen aus Luzern*, 7: 1-14.
- RUBINOFF D., CAMERON S. & WILL K., 2006: A genomic perspective on the shortcomings of mitochondrial DNA for „barcoding“ identification. *Journal of Heredity*, 97 (6): 581-594. doi:10.1093/jhered/esl036.
- SEGERER A.H., HASLBERGER A. & GRÜNEWALD T., 2011: *Olethreutes subtilana* (Falkovich, 1959): Unexpected occurrence of an 'eastern' leaf roller in Central Europe, uncovered by DNA barcoding (Tortricidae: Olethreutinae). *Nota lepidopterologica*, 33: 197-206.
- SEGERER A.H., GRÜNEWALD T. & HASLBERGER A., 2012: Bemerkenswerte Schmetterlingsfunde aus Bayern im Rahmen des Projektes Barcoding Fauna Bavarica (Insecta: Lepidoptera). *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen*, 61: 2-11.
- SEGERER A.H., LICHTMANNECKER P., HASLBERGER A. & GRÜNEWALD T., 2013a: Bemerkenswerte Schmetterlingsfunde aus Bayern im Rahmen laufender Projekte zur genetischen Re-Identifikation heimischer Tierarten (BFB, GBOL) – 3. Beitrag (Insecta: Lepidoptera). *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen*, 62: 2-9.
- SEGERER A.H., HASLBERGER A., GRÜNEWALD T., LICHTMANNECKER P. & HEINDEL R., 2013b: Bemerkenswerte Schmetterlingsfunde aus Bayern im Rahmen laufender Projekte zur genetischen Re-Identifikation heimischer Tierarten (BFB, GBOL) – 4. Beitrag (Insecta: Lepidoptera). *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen*, 62: 63-82.
- SIMONSEN T.J. & HUEMER P., 2014: Phylogeography of *Hepialus humuli* (L.) (Lepidoptera: Hepialidae) in Europe: Short distance vs. large scale postglacial expansions from multiple Alpine refugia and taxonomic implications. *Insect systematics & evolution*, 45(3):209-250. DOI:10.1163/1876312X-44032104.
- STEINKE D. & BREDE N., 2006: Taxonomie des 21. Jahrhunderts - DNA-Barcoding. *Biologie unserer Zeit*, 36: 40-46.
- TABELL J. & BALDIZZONE G., 2014: *Coleophora mareki* Tabell & Baldizzone, sp. n., a new coleophorid moth of the *serpylletorum* species-group (Lepidoptera: Coleophoridae). *SHILAP Revista de Lepidopterología* 42 (167): 399-408.
- TAMURA K., PETERSON D., PETERSON N., STECHER G., NEI M. & KUMAR S., 2011: MEGA5: Molecular Evolutionary Genetic Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28: 2731-2739.
- TRAWÖGER A., 1991: Die evolutive Bedeutung introgressiver Hybridisation bei zwei Arten der Gattung *Setina* Schrank, 1802 (Insecta, Lepidoptera, Lithosiinae). *Berichte des naturwissenschaftlich-medizinischen Vereins Innsbruck*, 78: 177-201.
- WILL K.W., MISHLER B.D. & WHEELER Q.D., 2005: The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic Biology*, 54 (5): 844-851. doi:10.1080/10635150500354878.
- ZILLI A., RONKAY L. & FIBIGER M., 2005: *Noctuidae europaeae*. Vol. 8. Apameini. – Entomological Press, Sorø, 323 pp.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Gredleriana](#)

Jahr/Year: 2016

Band/Volume: [016](#)

Autor(en)/Author(s): Huemer Peter, Hebert Paul D. N.

Artikel/Article: [DNA Barcode Bibliothek der Schmetterlinge Südtirols und Tirols \(Italien, Österreich\) - Impetus für integrative Artdifferenzierung im 21. Jahrhundert 141-164](#)