



Abb. 1: *Oxypteryx marieae* Paratypen, oben Männchen, unten Weibchen

***OXYPTERYX MARIEAE* SP. N. – EINE NEUE SCHMETTERLINGSART (LEPIDOPTERA) AUS DER FENNER SCHLUCHT (SÜDTIROL, ITALIEN)**

Peter Huemer

ABSTRACT

Oxypteryx marieae sp. n. is described from the southern part of the Alps (Margreid, South Tyrol, Italy), and adults and genitalia structures of both sexes are figured. The new species is most closely related to the Mediterranean species *O. nigromaculella* (Millière, 1872), *O. helotella* (Staudinger, 1859) and *O. parahelotella* (Nel, 1995) but clearly differs in several morphological characters and in the strongly divergent DNA barcode sequences. Furthermore, it is the only species of the group with adults on the wing in autumn.

ZUSAMMENFASSUNG

Oxypteryx marieae sp. n. wird aus den südlichen Alpen (Margreid, Südtirol, Italien) beschrieben und Adulte sowie Genitalstrukturen beider Geschlechter werden abgebildet. Die neue Art steht den mediterranen Arten *O. nigromaculella* (Millière, 1872), *O. helotella* (Staudinger, 1859) und *O. parahelotella* (Nel, 1995) am nächsten, unterscheidet sich aber deutlich in einigen morphologischen Merkmalen sowie durch die stark divergenten DNA-Barcode-Sequenzen. Weiters ist sie die einzige Art der Gruppe mit Flugzeit im Herbst.

EINLEITUNG

Die Gattung *Oxypteryx* Rebel, 1911, ein älteres Synonym von *Eulamprotes* Bradley, 1971 (BIDZILYA et al. 2019), umfasst 19 beschriebene Arten in Europa und wenige weitere aus der Paläarktis. Insbesondere Arten mit weißen und silbernen Markierungen der ehemaligen *Eulamprotes wilkella*-Artengruppe wurden unter Berücksichtigung sowohl molekularer Daten als auch der Morphologie überarbeitet (HUEMER & KARSHOLT 2011, HUEMER et al. 2013). Inzwischen wurden DNA-Barcodes von bereits 18 europäischen *Oxypteryx*-Arten erfolgreich sequenziert. Sie zeigen teilweise eine außergewöhnliche intraspezifische Variation und fünf genetische Cluster konnten keiner beschriebenen Art zugeordnet werden (HUEMER et al. 2020, HUEMER & KARSHOLT 2020). Vermutlich stellen diese Barcode-Cluster zusätzliche oder sogar unbeschriebene Arten dar und bedürfen einer zukünftigen Überarbeitung. Aber auch die beachtliche intraspezifische Divergenz einzelner Arten erfordert eine Neubewertung.

In der vorliegenden Arbeit wird eine neue Art der Gattung *Oxypteryx* aus dem Gebiet des südlichen Mendelgebirges (Südtirol) beschrieben, die sich sowohl in ihrer Morphologie als auch in ihren DNA-Barcode-Sequenzen signifikant von den nächsten beschriebenen Verwandten *O. nigromaculella*, *O. helotella* und *O. parahelotella* unterscheidet.

MATERIAL UND METHODEN

Belege

Die Studie basiert auf >100 Exemplaren aus der *Oxypteryx helotella*-Artengruppe aus den Sammlungen des Tiroler Landesmuseums Ferdinandeum. Das Material wurde entweder traditionell präpariert oder lediglich genadelt und gebreitet. Genitalpräparationen folgten den bei ROBINSON (1976) beschriebenen Standardtechniken, allerdings mit der von PITKIN (1986) für Gelechiidae adaptierten „unrolling technique“.

Die Vorderflügelänge wurde mit einem Okularmikrometer gemessen und reicht von der Flügelbasis bis zur Spitze (inkl. Fransen).

Material der neuen Art befindet sich in folgenden Institutionen: TLMF = Tiroler Landesmuseum Ferdinandeum, Innsbruck, Österreich; ZMUC = Zoologisches Museum, Universität Kopenhagen, Dänemark.

Darüber hinaus wurden wenige Exemplare externer Sammlungen aus der Datenbank BOLD (<http://www.boldsystems.org>; RATNASINGHAM & HEBERT 2007) für die genetischen Analysen berücksichtigt.

DNA-Sequenzierungen – Datenanalysen

DNA-Barcode-Sequenzen basieren auf einem 658 Basenpaar langem Segment des mitochondrialen COI Gens (cytochrome c oxidase 1). Gewebeproben (getrocknetes Bein) von ausgewählten Sammlungsexemplaren wurden in standardisierten Mikrotiterplatten à 96 Proben überführt und an das Canadian Centre for DNA Barcoding (CCDB, University of Guelph, Ontario, Kanada) versendet. Die Extraktion, Isolation, Amplifikation wie auch die anschließende Sequenzierung der DNA wurde am CCDB durchgeführt und erfolgte nach den bei DEWAARD et al. (2008) beschriebenen Standardprotokollen. Insgesamt 19 Proben sind im öffentlichen Datensatz DS-LEPIOXYP „*Oxypteryx* (Gelechiidae) – new species“ mit den vollständigen Belegdaten, Bildern und GenBank-Zugangsnummern zusammengefasst. Das Ausmaß der intra- und interspezifischen Variation im DNA-Barcode-Fragment wurde unter Verwendung des

Kimura-2-Parameter (K2P)-Modells der Nukleotidsubstitution unter Verwendung von Analysewerkzeugen in BOLD4.0 berechnet und mittels des Programmes MEGA 6 (TAMURA et al. 2013) grafisch dargestellt. Die Analysen basieren mit wenigen Ausnahmen auf Sequenzen aus >600 Basenpaaren. Die genetischen Divergenzen zwischen den Arten wurden darüber hinaus über das Barcode Index Nummer (BIN) System geprüft, welches Sequenzen in sogenannte Operational Taxonomic Units (OTUs) clustert und zwar unabhängig von ihrer bisherigen taxonomischen Zuordnung. Es beruht auf einem zweistufigen Algorithmus, der die Sequenzen in einem Cluster gruppiert und neue Sequenzen automatisiert zuordnet (RATNASINGHAM & HEBERT 2013).

Fotografische Dokumentation

Fotografien der Falter wurden mit Hilfe eines Olympus SZX 10 Binokular Mikroskopes und einer Digitalkamera Olympus E angefertigt, Genitalfotografien mit einer Olympus E1 Digitalkamera über ein Olympus BH2 Mikroskop. Die weitere Bildbearbeitung erfolgte über die Software Helicon Focus 4.3, Adobe Photoshop CS4 sowie Lightroom 2.3.

ERGEBNISSE

Oxypteryx marieae sp. n.

Material: Holotypus ♀, „ITALIA sept. Südtirol / Margreid, Fenner Schlucht / 11°12'05"E, 46°17'16"N / 460 m, 17.10.2018 / leg. Huemer / TLMF 2018-022“ „P. Huemer / GEL 1304 ♀“ (TLMF).

Paratypen. Italy: 9 ♂♂, 2 ♀♀, gleiche Daten wie Holotypus (TLMF, ZMUC); 4 ♂♂, gleiche Daten wie Holotypus, aber 4.10.2013, DNA Barcodes TLMF Lep 13722, 13723, 13724, 13725 (TLMF); 1 ♂ gleiche Daten wie Holotypus, aber 30.9.2016, TLMF 2016-014, DNA Barcode TLMF Lep 21878 und P. Huemer / GEL 1303 ♂ (TLMF).

Diagnose: Die neue Art erinnert oberflächlich an etliche andere Gelechiidae, die helle Beschuppung des Kopfes in Verbindung mit den fast zeichnungslosen dunklen Vor-

derflügel ist jedoch spezifisch. Wirklich eindeutige und zuverlässige diagnostische Merkmale finden sich aber vor allem in den männlichen und weiblichen Genitalstrukturen. Beim Männchen sind vor allem die Form des Uncus sowie der Valva, im weiblichen Geschlecht hingegen das Signum unverwechselbar. Schließlich unterscheidet sich die Art im DNA-Barcode signifikant von allen Gattungsvertretern. Beschreibung: Imago (Abb. 1). Kopf milchig-weiß beschuppt, Richtung Scheitel zunehmend hellbraun; Labialpalpen milchig-weiß, 2. Segment außen braun. Thorax und Patagia in unterschiedlichen Brauntönen, Tegulae distal rostbraun; Antennen dunkelbraun; Vorderflügelänge: ♂ 5,3–5,9 mm, ♀ 5,1–5,4 mm; Vorderflügelgrundfarbe

dunkelbraun, mit eingestreuten milchig-weißen und hellbraunen Schuppen, drei schwach entwickelte schwarze Punkte in der Falte sowie am Zellende, Flügeladern partiell schwarz beschuppt, rostbrauner Strichfleck in der Falte teilweise vorhanden, Fransen grau mit dunkler Teilungslinie. Hinterflügel hellgrau, perlmuttartig glänzend, Fransen lang, hellgrau. Geschlechter abgesehen von den etwas spitzeren und kürzeren Vorderflügeln des Weibchens ohne substantielle Unterschiede.

Männliche Genitalien (Abb. 2): Uncus massiv, ambossförmig, basal breit, distale Ecken breit abgerundet; Pedunculi breit abgerundet; Valva stark beborstet, kurz und breit, distal leicht verjüngt, mit konvexem dorsalen und ventralen

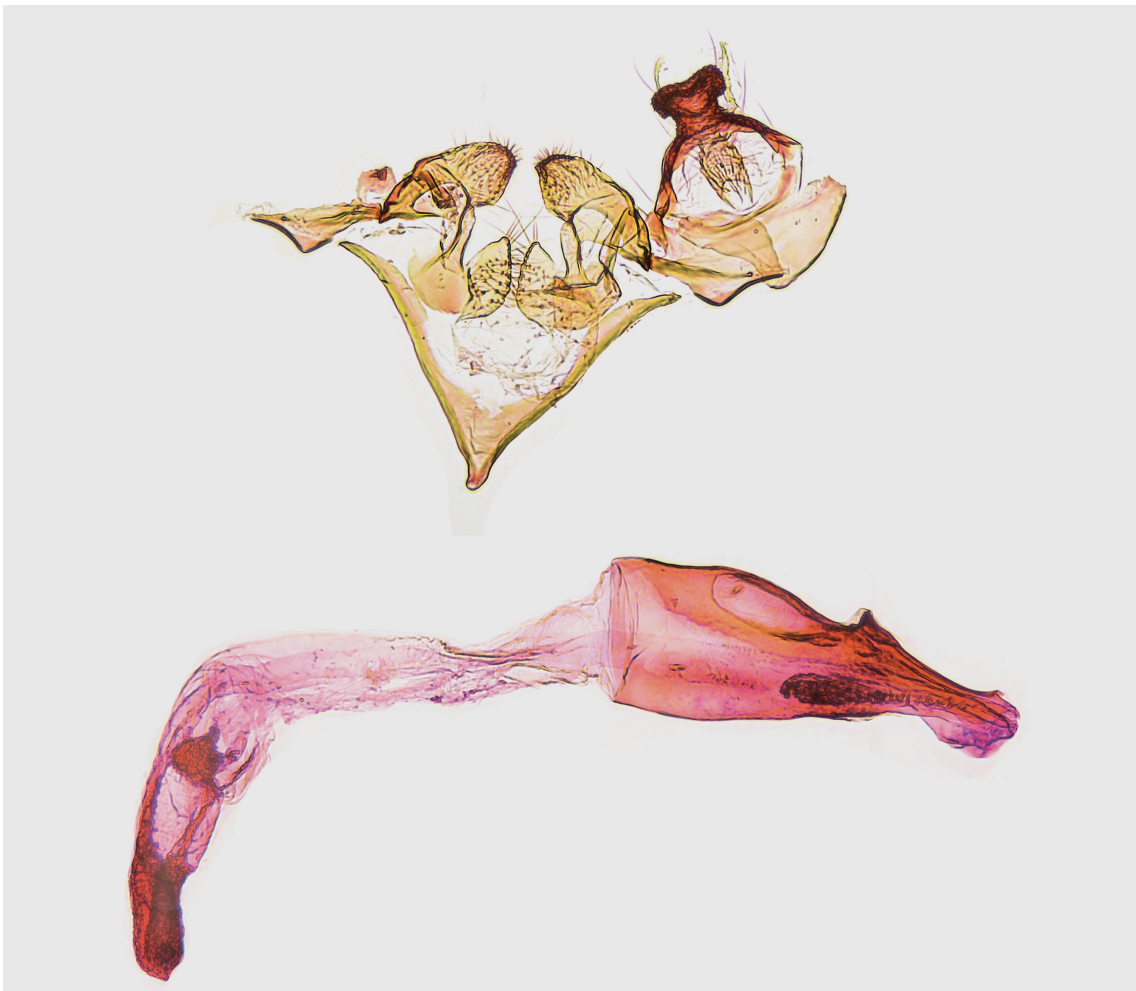


Abb. 2: *Oxypteryx marieae* Paratypus, männliche Genitalien



Abb. 3: *Oxypteryx marieae* Holotypus, weibliche Genitalien

Rand, Apex schwach zahnförmig; Sacculus stark bebors-
tet, etwas kleiner als Valva, breit, lappenförmig, apikal
zugespitzt; Saccus dreieckig, distal gleichmäßig verjüngt;
Phallus etwa so lang wie Genitalkapsel, massig, basal sehr
breit, distal zunehmend verjüngt, postmedial mit zahnarti-
gem Fortsatz.

Weibliche Genitalien (Abb. 3): Papillae anales apikal
abgerundet, Apophyses posteriores etwa doppelt so
lang; Segment VIII etwa ein Drittel Länge der Apophyses
posteriores, medial membranös, lateraler Bereich glatt
sklerotisiert, Hinterrand dorsal mit einer Reihe von etwa
einem Dutzend langen Setae; Apophyses anteriores etwas
kürzer als Apophyses posteriores; Ostium bursae, lateral
mit sklerotisierter Falte; Ductus bursae sehr lang, Eingangs-
bereich membranös, Antrum ventral stark sklerotisiert und
etwa so lang wie Apophyses anteriores, Sklerotisierung
posteriad verjüngt; Corpus bursae deutlich abgesetzt, oval;
Signum mit breit abgerundeter, sichelförmiger Basis, lange
paarige Dornfortsätze nach hinten gerichtet, fünf kurze
dornförmige Fortsätze am Vorderrand nach vorne abste-
hend.

Molekulare Daten: BIN: BOLD:ACR9491. Zwei vollständige
DNA-Barcodes zeigen keine intraspezifische Distanz. Die
minimale Distanz zum Nächsten Nachbarn *O. nigromacu-
lella* beträgt hingegen 9,34 %.

Etymologie: Die neue Art widme ich meiner Enkelin Marie,
seit ihrer Geburt am 28.5.2018 eine stetige Inspiration und
tägliche Freude.

Bionomie: Die Biologie der neuen Art ist unbekannt. Auch
von den unmittelbar verwandten Arten gibt es keine rele-
vanten Daten zur Raupennahrung und Lebensweise. Die
Imagines wurden bisher von Ende September bis Mitte
Oktober ausschließlich am Licht nachgewiesen, insbeson-
dere in den ersten beiden Nachtstunden. Das Habitat ist
ein süd- bis südwestexponierter, sehr steiler Felshang auf
karbonatischem Untergrund, mit submediterraner Vegeta-
tion, insbesondere Trockenrasen (Xerobrometum) und xero-
phytischen Gebüsch (siehe HUEMER 2020b)

Verbreitung: *Oxypteryx marieae* ist bisher ausschließlich
von der Typenlokalität, der Fenner Schucht bei Margreid
(Südtirol, Italien), bekannt.

DISKUSSION

Die Entdeckung einer für die Wissenschaft neuen Art in Mitteleuropa scheint vordergründig überraschend und sie ist es auch, insbesondere in Anbetracht einer einzigen bisher nachgewiesenen Population. Umgekehrt vermuten jedoch HUEMER et al. (2020) vor allem im südlichen Europa eine große Zahl potentiell unbeschriebener Gelechiidae, wie u. a. in der rezenten Beschreibung von drei Arten aus der Gattung *Caryocolum* belegt werden konnte (HUEMER 2020a). Bei *O. mariae* handelt es sich im Gegensatz zu den meisten rezenten Entdeckungen in der mitteleuropäischen Schmetterlingsfauna aber um keine krypti-

sche, sondern um eine nicht verwechselbare Art. Neben den Faltern und den männlichen Genitalstrukturen ist vor allem die weibliche Genitalmorphologie stark von anderen Vertretern der Gattung abweichend. Auch molekulare Daten bestätigen die isolierte Stellung von *O. mariae*. 24 erfolgreich sequenzierte Arten der Gattung *Oxypteryx* in BOLD weisen im Durchschnitt eine Divergenz von 6,02 % zum Nächsten Nachbarn auf, Ähnliches gilt für Arten aus der näheren Verwandtschaft der neuen Art (Abb. 1, Tab. 1). Die genetische Distanz von *O. mariae* zur nächststehenden *O. nigromaculella* beträgt hingegen 9,34 %, ein Maximalwert zwischen Nächsten Nachbarn in der Gattung.

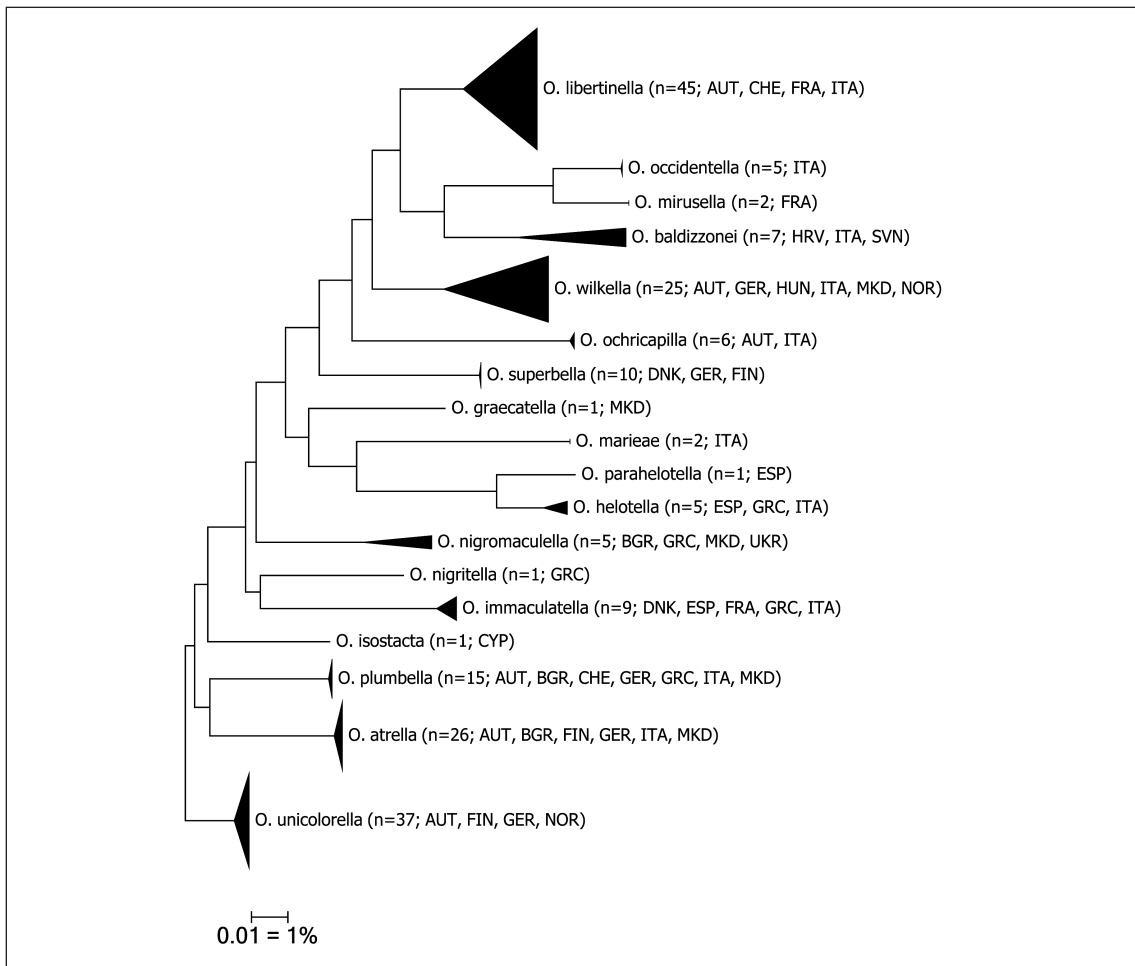


Abb. 4: Neighbor-Joining Tree europäischer *Oxypteryx*-Arten zur Darstellung genetischer Distanzen (Kimura 2-Parameter, konstruiert mit MEGA 6; Quelle: HUEMER et al. 2020)

Tab. 1: Genetische Distanzen (DNA-Barcode) in der *O. helotella*-Artengruppe

Abkürzungen: mitIntSp = mittlere intraspezifische Divergenz; maxIntSp = maximale intraspezifische Divergenz; NN = Nächster Nachbar; DistNN = Distanz zum Nächsten Nachbarn

Art	mit IntSp	max IntSp	Nächste Art	NN	Dist NN
<i>Oxypteryx graecatella</i>	N/A	0	<i>Oxypteryx nigromaculella</i>	LECRT123-16	7,80
<i>Oxypteryx helotella</i>	0,56	1,33	<i>Oxypteryx parahelotella</i>	DEEUR2362-19	3,63
<i>Oxypteryx nigromaculella</i>	0,48	1,26	<i>Oxypteryx graecatella</i>	PHLAG301-12	7,80
<i>Oxypteryx parahelotella</i>	0,31	0,31	<i>Oxypteryx helotella</i>	DEEUR963-16	3,63
<i>Oxypteryx marieae</i>	0	0	<i>Oxypteryx nigromaculella</i>	LECRT123-16	9,34

Weshalb die neue Art trotz der genannten einzigartigen Morphologie und DNA-Barcodes bisher unentdeckt blieb, lässt sich am ehesten mit dem ungewöhnlichen und erst in den letzten Jahren untersuchten Lebensraum in der Fenner Schlucht (siehe auch HUEMER 2020b) erklären. Darüber hinaus handelt es sich um eine besonders spät im Jahr fliegende Art – die näheren Verwandten sind alle im Frühjahr oder teilweise in den Sommermonaten aktiv –, die durch diese ungewöhnliche Phänologie der Aufmerksamkeit der Wissenschaft entgangen sein dürfte.

DANK

DNA-Sequenzierungen wurden dankenswerterweise durch das Canadian Centre for DNA Barcoding (University of Guelph, Kanada) unter der Leitung von Prof. Dr. Paul Hebert durchgeführt und durch Mittel der kanadischen Regierung an Genome Canada über das Ontario Genomic Institute ermöglicht. Weiters gebührt dem Ontario Ministry of Research and Innovation und dem Natural Sciences and Engineering Research Council of Canada für die Unterstützung der Datenbank BOLD herzlicher Dank. Die Erhebungen fanden in enger Kooperation mit dem Naturmuseum Südtirol im Rahmen der von der Autonomen Provinz Bozen – Südtirol geförderten Forschungsprojekte „Erstellung einer DNA-Barcode-Bibliothek der Schmetterlinge des zentralen Alpenraumes – Autonome Provinz Bozen – Südtirol; Land Tirol“ und „Genetische Artabgrenzung ausgewählter arktalpiner und boreomontaner Tiere Südtirols“ statt. Schließlich wird Stefan Heim für fotografische Hilfe herzlich gedankt.

LITERATUR

- Bidzilya, O., Karsholt, O., Kravchenko, V. & Šumpich, J. (2019): An annotated checklist of Gelechiidae (Lepidoptera) of Israel with description of two new species, in: *Zootaxa* 4677, S. 1–68, URL: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4677.1.1> (Zugriff: 20.3.2020).
- deWaard, J. R., Ivanova, N. V., Hajibabaei, M. & Hebert, P. D. N. (2008): Assembling DNA Barcodes: Analytical Protocols, in: Cristofre, M. (Hg.): *Methods in Molecular Biology: Environmental Genetics*, Totowa, USA, S. 275–293.
- Huemer, P. (2020a): Integrative revision of the *Caryocolum schleichi* species group – a striking example of a temporally changing species concept (Lepidoptera, Gelechiidae), in: *Alpine Entomology* 4, S. 39–63, URL: <https://doi.org/10.3897/alpento.4.50703> (Zugriff: 20.3.2020).
- Huemer, P. (2020b): Schmetterlinge (Lepidoptera) einer submediterranen Enklave Südtirols (Fenner Schlucht, Margreid), in: Assmann, P., Flögel, A. & Sila, R. (Hg.): *Wissenschaftliches Jahrbuch der Tiroler Landesmuseen* 12, S. 320–347.
- 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), in: *Zootaxa* 3746, S. 69–100, URL: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3746.1.3> (Zugriff: 20.3.2020).
- Huemer, P. & Karsholt, O. (2011): *Eulamprotes libertinella* auct. – ein Komplex kryptischer alpiner „Klein-

- schmetterlinge" (Lepidoptera, Gelechiidae)?, in: *Entomologische Nachrichten und Berichte* 55 (4), S. 217–229.
- Huemer, P. & Karsholt, O. (2020): Commented checklist of European Gelechiidae (Lepidoptera), in: *ZooKeys* 921, S. 65–140.
- Huemer, P., Karsholt, O., Aarvik, L., Berggren, K., Bidzilya, O., Junnilainen, J., Landry, J.-F., Mutanen, M., Nupponen, K., Segerer, A., Šumpich, J., Wieser, C., Wiesmair, B. & Hebert, P. D. N. (2020): DNA barcode library for European Gelechiidae (Lepidoptera) suggests greatly underestimated species diversity, in: *ZooKeys* 921, S. 141–157, URL: <https://doi.org/10.3897/zookeys.921.49199> (Zugriff: 20.3.2020).
- Pitkin, L. M. (1986): A technique for the preparation of complex male genitalia in Microlepidoptera, in: *Entomologist's Gazette* 37, S. 173–179.
- Ratnasingham, S. & Hebert, P. D. N. (2007): BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>), in: *Molecular Ecology Notes* 7, S. 355–364, URL: <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x> (Zugriff: 20.3.2020).
- Ratnasingham, S. & Hebert, P. D. N. (2013): A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system, in: *PLoS ONE* 8: e66213, URL: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213> (Zugriff: 20.3.2020).
- Robinson, G. (1976): The preparation of slides of Lepidoptera genitalia with special reference to the Microlepidoptera, in: *Entomologist's Gazette* 27, S. 127–132.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. & Kumar, S. (2013): MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0, in: *Molecular Biology and Evolution* 30, S. 2725–2729, URL: <https://doi.org/10.1093/molbev/mst197> (Zugriff: 20.3.2020).

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Wissenschaftliches Jahrbuch der Tiroler Landesmuseen](#)

Jahr/Year: 2020

Band/Volume: [13](#)

Autor(en)/Author(s): Huemer Peter

Artikel/Article: [Oxypeteryx Marieae Sp. N. – Eine neue Schmetterlingsart \(Lepidoptera\) aus der Fenner Schlucht \(Südtirol, Italien\) 349-355](#)