

Un nouveau Sphinx de Papouasie occidentale (Irian Jaya) : *Gnathothlibus marionae* n. sp. (Lepidoptera, Sphingidae)

par Pierre SCHMIT

4 hameau de Marbois, F – 91890 Videlles <pierre.schmit@aliceadsl.fr>

Résumé. – *Gnathothlibus marionae* n. sp. est décrit d'une série de quatre mâles collectés en Indonésie dans la province de Papouasie occidentale. Très semblable à *G. meeki* (Rothschild & Jordan, 1907) qui semble être son espèce-sœur, la nouvelle espèce s'en distingue toutefois par sa plus grande taille, une couleur plus sombre, d'autres caractères morphologiques, et une distance génétique significative.

Abstract. – **A new Hawkmoth from Western Papua (Irian Jaya): *Gnathothlibus marionae* n. sp. (Lepidoptera, Sphingidae).** *Gnathothlibus marionae* n. sp. is described on a series of four males collected in Indonesia, in the province of Irian Jaya. Very similar to *G. meeki* (Rothschild & Jordan, 1907), probably its sister species, however it is separated by a greater size, a deeper background colour and a significant genetic distance.

Keywords. – Lepidoptera, Sphingidae, *Gnathothlibus*, taxonomy, new species, Indonesia, New Guinea, barcoding.

En décembre 2009, j'ai effectué un voyage dans la province indonésienne de Papouasie occidentale (Irian Jaya ou Papua Barat) dans la région dite péninsule de la "tête d'oiseau" aux environs de Manokwari. Dans deux villages, Tombrok et Kobrey, près des lacs Anggi Gigi et Anggi Gita, mon attention a été attirée par des *Gnathothlibus* semblables à des *G. meeki*, particulièrement grands comparés aux autres spécimens collectés dans la même région, et différents de ces derniers par la couleur et quelques détails morphologiques ; de plus une divergence spécifique est confirmée par le "barcode". Je les décris ci-dessous comme nouvelle espèce.

Gnathothlibus marionae n. sp. (fig. 1)

HOLOTYPE : ♂, Indonésie, province de Papua Barat (Papouasie occidentale), Kabupaten Manokwari, district Tombrok, village Tombrok (1°22'S-134°0'E), 2050 m, 12.XII.2009, collecté aux lampes UV, *P. Schmit leg.* et coll. [P. SCHMIT, P21199, G1255, ADN Barcode SPHPS009-10], dans la collection de l'auteur.

PARATYPES : 3 ♂, *idem*, district Anggi, village Kobrey (1°23'S-133°55'E), 2360 m, 11.XII.2009 [P. SCHMIT, P21202, G1207, ADN Barcode SPHPS010-10] ; *idem* [P21200, G1258] ; *idem* [P21201, G1259]. Le paratype P21201 est déposé au Muséum national d'Histoire naturelle, à Paris.

Description, mâle. – Longueur de l'aile antérieure : 50 à 51 mm (4 spécimens), significativement supérieure à la taille de *Gnathothlibus meeki* (Rothschild & Jordan, 1907) (longueur alaire des mâles de la série typique collectés en février 1906 : 38 mm) et des spécimens collectés dans la même localité et d'autres localités de Papouasie (longueur alaire de 37 à 41 mm sur 20 spécimens de la collection de l'auteur).

L'habitus est semblable à celui de *G. meeki*. Le dessin des ailes antérieures et postérieures, recto et verso, est identique. La couleur de fond du dessus des ailes antérieures de *G. marionae* n. sp. est d'un brun profond alors que *G. meeki* a une couleur de fond des antérieures brun plus clair ou bien brun-verdâtre dans les mêmes proportions. Les bandes postmédiales et basales sont plus larges et d'un brun plus foncé chez *G. marionae* n. sp. que chez *G. meeki*, de même la tache entourant le stigma est d'un brun foncé alors qu'elle est à peine perceptible chez *G. meeki*. Au verso, les antérieures sont d'un rouge un peu plus soutenu chez *G. marionae* n. sp. les postérieures sont d'un brun-rougeâtre plus intense.

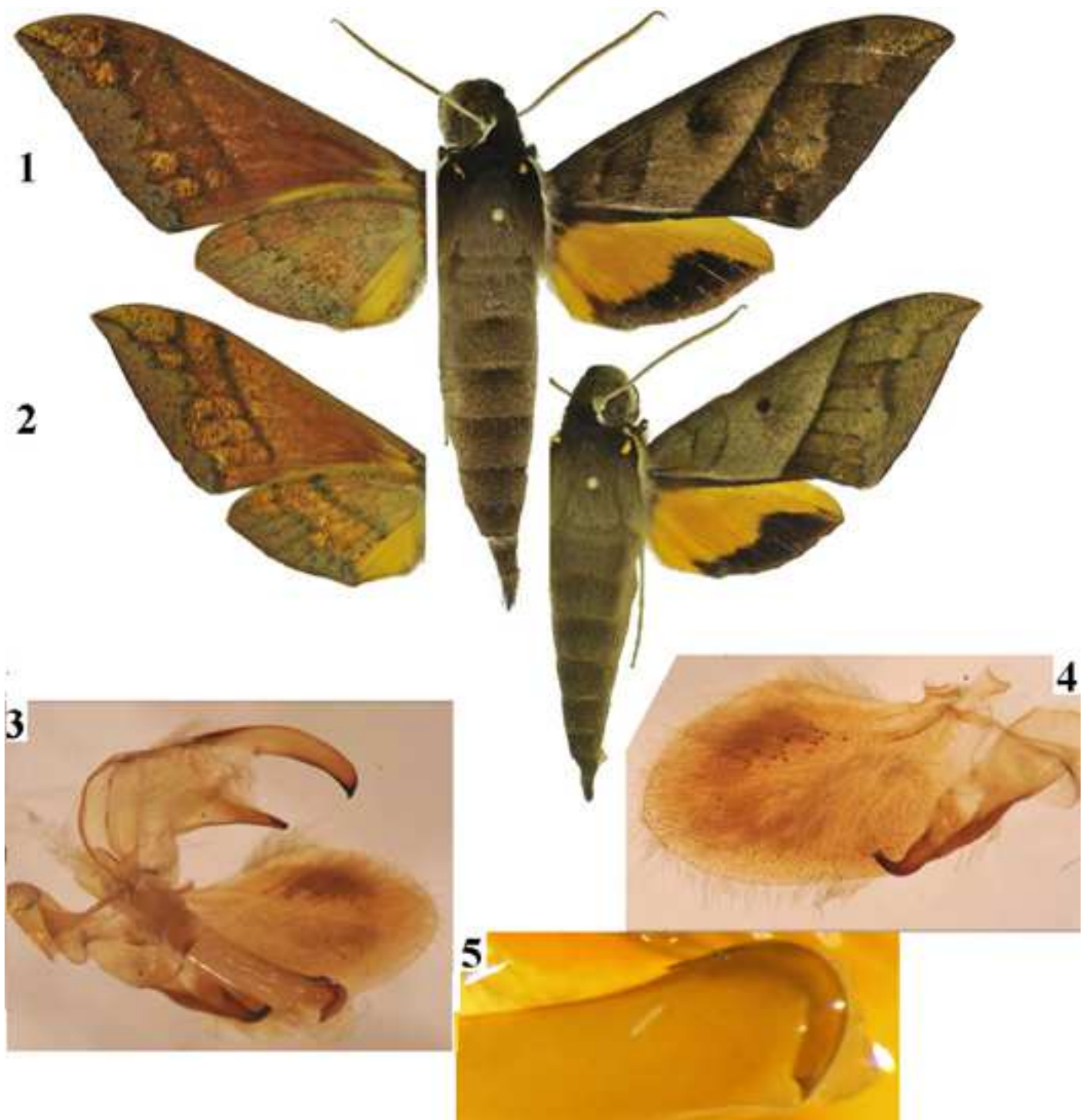


Fig. 1-5. – *Gnatholibus marionae* n. sp. (1, 3-5) et *G. meeki* (Rothschild & Jordan) (2). – 1-2, Habitus ♂, faces ventrale et dorsale (1, holotype ; 2, spécimen P21212, coll. P. Schmit). – 3-5, Genitalia de l'holotype, valve droite retirée, détail valve droite et pointe du pénis.

Genitalia ♂ (fig. 3 à 5). – Les genitalia des quatre spécimens de *G. marionae* n. sp. ont été effectuées et ont été comparées à cinq genitalia de *G. meeki* ([G0244], [G1112], [G1209], [G1210], [G1243]). Tous ces genitalia ne sont pas significativement différents. L'extrémité du pénis forme un crochet. On distingue sur le bord dorsal de ce crochet deux petites pointes légèrement espacées chez tous les spécimens de *G. meeki* et de *G. marionae* n. sp. à l'exception d'un seul spécimen de *G. marionae* n. sp. qui possède quatre petites pointes.

Analyse ADN. – Deux spécimens de chaque espèce ont fait l'objet d'une analyse moléculaire à partir d'une patte prélevée sur chaque spécimen : à savoir, les deux spécimens mentionnés ci-dessus dans la série-type, l'holotype et un paratype, et deux *Gnatholibus meeki*, dont l'un (spécimen P21202, barcode SPHPS0010-10) récolté en même temps que

l'holotype et l'autre provenant de l'île de Nouvelle-Bretagne (archipel de Bismarck) (spécimen P3708, barcode SPHPS007-10)

L'analyse a été effectuée à l'Université de Guelph au Canada (Biodiversity Institute of Ontario, Canadian Center for DNA Barcoding), en utilisant les protocoles standards utilisés en routine pour générer des "codes-barres ADN" ("*DNA barcodes*", HEBERT *et al.*, 2003; VAGLIA *et al.*, 2008) ;

La comparaison des séquences conforte la distinction spécifique faite sur la base de la morphologie. En effet, il existe une distance génétique – telle que calculée par BOLD (RATNASINGHAM & HEBERT, 2007) – minimale de 4,79% entre *G. marionae* n. sp. et *G. meeki*.

Malgré un nombre trop réduit de spécimens pour rendre compte de la variabilité intraspécifique, on constate que les deux spécimens de *G. marionae* sont génétiquement identiques tandis que les deux représentant de *G. meeki*, de régions fort éloignées, sont génétiquement distincts (distance de 3,48%) et pourraient représenter deux espèces, problème à résoudre quand on disposera d'un échantillonnage plus important.

REMERCIEMENTS. – Je remercie vivement Rodolphe Rougerie, coordinateur de la campagne de Barcoding des Sphingidae, pour son aide à l'interprétation des séquences ADN et ses précieux conseils, Ian Kitching du *Natural History Museum* pour ses communications sur la série typique, Jacques Pierre et Roger Roy pour leurs corrections et remarques judicieuses à l'élaboration de ce manuscrit. Mes remerciements vont aussi au Canadian Centre for DNA Barcoding (CCDB) pour la production des séquences ADN dans cadre du projet iBOL (international barcode of Life - www.iBOL.org) rendu possible grâce au financement par le Génome Canada.

AUTEURS CITÉS

- HEBERT P. D. N., CYWINSKA A., BALL S. L. & DEWAARD J. R., 2003. – Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London*, B, **270** : 313-321.
- KITCHING I. J. & CADIOU J.M., 2000. – *Hawkmoths of the World an annotated and illustrated revisionary checklist (Lepidoptera: Sphingidae)*. London : The Natural History Museum, 228 p., 8 pl.
- RATNASINGHAM S. & HEBERT P. D. N., 2007. – BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, **7** : 355-364.
- ROTHSCHILD W. & JORDAN K., 1907. – New Sphingidae. *Novitates Zoologicae*, **14** : 92-95.
- VAGLIA T., HAXAIRE J., KITCHING I. J., MEUSNIER I. & ROUGERIE R., 2008. – Morphology and DNA barcoding reveal three cryptic species within the *Xylophanes neoptolemus* and *loelia* species-groups (Lepidoptera: Sphingidae). *Zootaxa*, **1923** : 18-36.
-