



Artenhilfsprojekt Graues Langohr
Nahrungsanalyse
an zwei Wochenstubenkolonien
des Grauen Langohrs



natur



Artenhilfsprojekt Graues Langohr

**Nahrungsanalyse
an zwei Wochenstubenkolonien
des Grauen Langohrs**

Impressum

Artenhilfsprojekt Graues Langohr – Nahrungsanalyse an zwei Wochenstubenkolonien des Grauen Langohrs

Herausgeber:

Bayerisches Landesamt für Umwelt (LfU)
Bürgermeister-Ulrich-Straße 160
86179 Augsburg
Tel.: 0821 9071-0
E-Mail: poststelle@lfu.bayern.de
Internet: www.lfu.bayern.de/

Text:

Dr. Imhild Wolz, Kreuzstraße 5, 91077 Neunkirchen/Brand
mit Textbeiträgen von Jérôme Morinière (AIM GmbH), Inken Karst, Martin Biedermann und Wigbert Schorcht (NACHTaktiv – Biologen für Fledermauskunde GbR)

Redaktion:

LfU, Bernd-Ulrich Rudolph;
Matthias Hammer (Koordinationsstelle für Fledermausschutz in Nordbayern), Lehrstuhl für Tierphysiologie, Universität Erlangen-Nürnberg, Staudtstraße 5, 91058 Erlangen;
Dr. Andreas Zahn (Koordinationsstelle für Fledermausschutz in Südbayern), Hermann-Löns-Str. 4, 84478 Waldkraiburg

Bildnachweis:

alle Bilder Dr. Imhild Wolz, außer:
Martin Biedermann, NACHTaktiv, Häßlerstr. 99, 99099 Erfurt: Abb. 2;
Christian Söder, Kirchberg 9, 97318 Kitzingen: Abb. 1;
Dr. Andreas Zahn: Titelbild (Graues Langohr)

Stand:

Februar 2021

Diese Publikation wird kostenlos im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit der Bayerischen Staatsregierung herausgegeben. Jede entgeltliche Weitergabe ist untersagt. Sie darf weder von den Parteien noch von Wahlwerbern oder Wahlhelfern im Zeitraum von fünf Monaten vor einer Wahl zum Zweck der Wahlwerbung verwendet werden. Dies gilt für Landtags-, Bundestags-, Kommunal- und Europawahlen. Missbräuchlich ist während dieser Zeit insbesondere die Verteilung auf Wahlveranstaltungen, an Informationsständen der Parteien sowie das Einlegen, Aufdrucken und Aufkleben parteipolitischer Informationen oder Werbemittel. Untersagt ist gleichfalls die Weitergabe an Dritte zum Zweck der Wahlwerbung. Auch ohne zeitlichen Bezug zu einer bevorstehenden Wahl darf die Publikation nicht in einer Weise verwendet werden, die als Parteinahme der Staatsregierung zugunsten einzelner politischer Gruppen verstanden werden könnte. Den Parteien ist es gestattet, die Publikation zur Unterrichtung ihrer eigenen Mitglieder zu verwenden.

Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Alle Rechte sind vorbehalten. Die publizistische Verwertung der Veröffentlichung – auch von Teilen – wird jedoch ausdrücklich begrüßt. Bitte nehmen Sie Kontakt mit dem Herausgeber auf, der Sie – wenn möglich – mit digitalen Daten der Inhalte und bei der Beschaffung der Wiedergaberechte unterstützt.



BAYERN | DIREKT ist Ihr direkter Draht zur Bayerischen Staatsregierung. Unter Tel. 089 12 22 20 oder per E-Mail unter direkt@bayern.de erhalten Sie Informationsmaterial und Broschüren, Auskunft zu aktuellen Themen und Internetquellen sowie Hinweise zu Behörden, zuständigen Stellen und Ansprechpartnern bei der Bayerischen Staatsregierung.

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	4
1 Einleitung	6
2 Material und Methode	7
2.1 Material	7
2.2 Methode	9
3 Ergebnisse	11
3.1 Durch konventionelle Kotanalysen ermittelte Beutespektren	11
3.2 Durch DNA- Analyse ermittelte Beutespektren	24
3.3 Durch konventionelle Kotanalysen ermittelte Beutespektren des Jahres 2019 im Quartier Hoheim	41
3.4 Durch DNA-Analyse ermittelte Beutespektren des Jahres 2019 im Quartier Hoheim	45
4 Diskussion	48
5 Literatur	53
6 Anhang	56
6.1 Methodenbeschreibung der AIM-GmbH (J. Morinière)	56
6.2 Gesamtbeutespektrum der Grauen Langohren aus Hoheim und Aresing in 2018	57
6.3 Gesamtbeutetierliste der Grauen Langohren aus Hoheim und Aresing	58

Zusammenfassung

Im Rahmen des Artenhilfsprojektes (AHP) Graues Langohr (*Plecotus austriacus*) wurden die Wochenstubenkolonien der Quartiere in Hoheim (Landkreis Kitzingen) 2018 und 2019 und Aresing (Landkreis Neuburg-Schrobenhausen) 2018 untersucht. Mit Hilfe der konventionellen Kotanalyse sollte das Beutespektrum der Kolonien ermittelt und die Ergebnisse mit gleichzeitig durchgeführten DNA-Analysen (NGS – Next Generation Sequencing Methode) verglichen werden.

Die Untersuchung von insgesamt 465 Kotpellets aus beiden Quartierstandorten erbrachte ein Beutespektrum, das zehn Insektenordnungen umfasste. Die Schmetterlinge stellten im Jahr 2018 in acht der neun Kotproben die Hauptbeute, die Grauen Langohren sowohl aus Hoheim als aus Aresing ernährten sich vorwiegend von diesen Insekten. Nur die Probe vom 29. Juni aus Aresing wurde von einer anderen Beutetiergruppe, den Zweiflüglern, dominiert. Neben Mücken (vor allem der Familie Tipulidae) und Fliegen stellten lediglich die Käfer (Gerippter Brachkäfer, *Amphimallon solstitiale*) in einzelnen Pellets die Hauptbeute: in der Probe vom 23. Juli 2018 (Aresing, ein Pellet) sowie in der Probe vom 12. Juli 2018 (Hoheim, ein Pellet).

Im Jahr 2019 wurden in Hoheim 16 Proben in der Zeit vom 23. März bis zum 04. November 2019 gesammelt und untersucht. In 14 der 16 Proben stellten die Schmetterlinge die Hauptbeute, am 08. Mai fraßen die Langohrfledermäuse vor allem Käfer, am 23. Mai wurden Schmetterlinge und Käfer mit gleichen Häufigkeiten nachgewiesen. Die Beutetiergruppen Fliegen, Mücken, Köcherfliegen und Blattläuse wurden erst ab Ende September in einzelnen Kotkrümeln als Hauptbeute registriert. Die Beutespektren des Frühjahrs zeigen, dass Graue Langohren andere Beute als die sonst bevorzugten Schmetterlinge fangen, wenn diese in ausreichender Zahl im Jagdgebiet fliegt. Auch im Herbst weichen die Fledermäuse zumindest in einigen Fällen auf andere Beute wie z. B. Blattläuse und Köcherfliegen aus.

Die konventionelle Kotanalyse erfasste das gesamte erkennbare Beutespektrum der Grauen Langohren auf Ordnungsniveau. Auch winzige Bestandteile der in geringerer Zahl erbeuteten Vertreter verschiedener Insektenordnungen wurden registriert. Sechszwanzig Insektenarten und vier Gattungen konnten aus dem Bruchstückmaterial bestimmt werden, weitere Beutetiere ergaben sich durch die Bestimmung der Fraßreste unter den Hangplätzen der Fledermäuse.

Zum Vergleich wurden acht Proben von beiden Standorten aus den Aufsammlungen 2018 für die genetische Untersuchung bereitgestellt. Die DNA-Analyse lieferte für jeden Sammeltermin eine umfangreiche Liste an Beutetierarten. Die Spannweite reichte dabei von zehn Schmetterlingsarten in der Probe vom 24. August aus Aresing bis zu 29 in der Probe vom 22. September aus Hoheim. Insgesamt wurden für beide Quartierstandorte 76 Lepidoptera-Arten und eine Gattung registriert. Als land- oder forstwirtschaftlich bedeutsame Arten wurden in Hoheim der Maiszünsler (*Ostrinia nubilalis*) nachgewiesen, die DNA-Spuren des Eichen-Prozessionsspinners (*Thaumetopoea processionea*) fanden sich in zwei Kotproben aus Hoheim und in einer Probe aus Aresing. Es zeigte sich, dass der eingesetzte Primer COI nicht in der Lage war, einzelne Beutetierordnungen wie z. B. die Wanzen richtig zu erfassen. In den Beutetierlisten fanden sich weiterhin regelmäßig Tierarten, die entweder in Europa nicht vorkommen, aufgrund ihrer Flugzeit auszuschließen sind oder zwar ihre DNA-Spuren auf dem Fledermauskot hinterlassen haben, aber keine Fledermausbeute waren. Daher muss die Plausibilität eines jeden einzelnen Beutetiers gründlich überprüft werden, um diese Fehlbestimmungen zu eliminieren.

Um die Beutetierordnung der Wanzen besser zu erfassen, wurden weitere Primer eingesetzt. In wenigen Fällen gelang es damit zwar, zwei Wanzenarten aus der Familie der Miridae zu erfassen. Insgesamt erwiesen sich die hierzu eingesetzten Primer (COII, S 12, S 16, CytB und HEX COI) jedoch als nicht geeignet, aussagekräftige Beutespektren aus Fledermauskot zu ermitteln.

Im Jahr 2019 wurden drei Proben aus Hoheim einer DNA-Analyse unterzogen, um spezielle Fragen zu klären. Ein Teil der konventionell ermittelten Beutetierarten konnte dadurch bestätigt werden, es ließ sich jedoch nicht ermitteln, welche Köcherfliegen die Beute der Grauen Langohren bildeten bzw. von welchen Tieren die unbekanntes Kotkrümel im Fledermausquartier stammen, die fast nur pflanzliche Reste enthalten.

1 Einleitung

Graue Langohren (*Plecotus austriacus*) gehören in Bayern zu den wenigen Fledermausarten, deren Bestandstrend rückläufig ist (Meschede & Rudolph 2010, LfU 2017). Sie gelten als typische „Dorffledermäuse“ und besiedeln mit ihren kleinen Wochenstubenkolonien (zehn bis 30 Weibchen) die Dachstühle von Gebäuden (Dietz et al. 2007).

Auch die Jagdgebiete liegen häufig im Siedlungs- oder Ortsrandbereich, man kann Graue Langohren daher als ausgeprägte Kulturfolger bezeichnen. Über Biologie und Ökologie dieser Fledermausart ist in Bayern jedoch erst wenig bekannt (Meschede & Rudolph 2004, Scheunert et al. 2009).

Im Rahmen des Biodiversitätsprogramms Bayern 2030 der Bayerischen Staatsregierung wurde im Rahmen des „Artenhilfsprojekts Graues Langohr“ mittels Telemetrie die Raumnutzung zweier Kolonien untersucht. Durch die Analyse zeitgleich gesammelter Kotproben sollten die Beutetiere dieser Fledermäuse ermittelt werden. Diese Kotanalysen erfolgten sowohl konventionell, d. h. durch Zerzupfen der Kotpellets und Beurteilen der Beutetierfragmente unter dem Mikroskop als auch durch DNA-Untersuchungen. Ein Vergleich der mit beiden Methoden erzielten Ergebnisse sollte Grenzen und Möglichkeiten dieser Methoden sichtbar machen.

Anhand der festgestellten Beutetierarten und ihrer ökologischen Ansprüche in Kombination mit den Erkenntnissen zur Raumnutzung der Grauen Langohren (Nachtaktiv 2020) können gezielte Fördermaßnahmen für die von ihnen benötigten Landschaftsstrukturen geplant und umgesetzt werden. Um Fledermauskolonien zu schützen, genügt es nicht, die Quartiere zu erhalten und zu pflegen, auch die Jagdlebensräume der gefährdeten Arten müssen dauerhaft erhalten bleiben und gerade im Offenland wieder aufgewertet werden, um das Nahrungsangebot zu verbessern.

2 Material und Methode

2.1 Material

Die Kotproben stammten von zwei Kolonien des Grauen Langohrs in Bayern. In Aresing (Landkreis Neuburg-Schrobenhausen, Oberbayern) bewohnen die Fledermäuse den Dachstuhl der Pfarrkirche, in Hoheim im Landkreis Kitzingen (Unterfranken) besiedeln die Grauen Langohren die Dachböden des alten Pfarrhauses und der benachbarten Kirche.

Die Kotproben wurden mittels ausgelegter Folie und Zeitungen in den Dachböden der Quartiere gesammelt (Abbildung 1 und 2).



Abb. 1: Dachboden des Pfarrhauses in Hoheim mit ausgelegter Folie unter dem Haupthangplatz der Fledermäuse.



Abb. 2: Dachboden der Pfarrkirche in Aresing mit ausgelegter Zeitung.

Die Tabelle 1 zeigt die Termine der Probenentnahmen und die Zahl der analysierten Pellets in den Jahren 2018 und 2019. Dabei ist zu beachten, dass sich die Kotkrümel der Fledermäuse jeweils in der Zeit zwischen den Probenentnahmen ansammelten, also keine Tagesproben sind.

Tab. 1: Entnahmedaten und Probengröße der Kotproben für die konventionelle Kotanalyse in den Jahren 2018 und 2019

Hoheim 2018		Aresing 2018	
Entnahmedatum	Zahl der Pellets	Entnahmedatum	Zahl der Pellets
20. Mai 2018	20	10. Juni 2018	20
08. Juni 2018	16	29. Juni 2018	15
12. Juli 2018	20	23. Juli 2018	19
23. August 2018	20	24. August 2018	20
22. September 2018	20		
Hoheim 2019		Aresing 2019	
Entnahmedatum	Zahl der Pellets	Entnahmedatum	Zahl der Pellets
23. März 2019	15	23. Juli 2019	20
08. April 2019	20	06. August 2019	20
22. April 2019	20	21. August 2019	20
08. Mai 2019	20	05. Sept. 2019	20
23. Mai 2019	20	20. Sept. 2019	20
07. Juni 2019	20	05. Oktober 2019	10
23. Juni 2019	20	20. Oktober 2019	20
08. Juli 2019	20	04. Nov. 2019	10

Bis auf die Probe vom 29. Juni 2018 aus Aresing wurde von allen Kotalaufsammlungen des Jahres 2018 Material für die DNA-Untersuchungen abgezweigt und der AIM GmbH (Advanced Identification Methods) in München zur Verfügung gestellt.

Von den Proben des Jahres 2019 wurden lediglich drei einer DNA-Analyse unterzogen (s. Kap. 3.4).

Die konventionelle Untersuchung der 295 Pellets, die in der Zeit zwischen dem 23. März und dem 04. November 2019 gesammelt wurden, sollte die Veränderungen des Beutespektrums während des Jahresverlaufs zeigen bzw. die Bevorzugung einzelner Insektengruppen zu bestimmten Jahreszeiten demonstrieren.

2.2 Methode

Konventionelle Kotanalyse

Jedes der 170 (2018) und 295 (2019) analysierten Pellets wurde über Nacht in 10 ml Wasser aufgeweicht, um die Schleimhülle der Kotkrümel zu lockern und die eingeschlossenen Fragmente leichter zugänglich zu machen. Anschließend wurden die aufgeweichten Proben unter dem Binokular (Vergrößerung 25-fach bis 40-fach) zerzupft und die zur Bestimmung der Beutetiere brauchbaren Bruchstücke ausgesammelt. Gleichzeitig mit der Bearbeitung der einzelnen Pellets wurde für jeden Kotkrümel ein Analyseprotokoll erstellt, welches gewährleistet, dass keine Fragmente übersehen oder vergessen werden. Diese Protokolle ermöglichen auch noch später, Korrekturen am Beutespektrum vorzunehmen, wenn z. B. unbekannte Bruchstücke aufgrund weiterer Funde nachträglich noch bestimmten Insektenarten zugeordnet werden können.

Kleine bzw. dünne Fragmente wurden anschließend in Polyvinyl-Lactophenol eingebettet. Große Bruchstücke, z. B. von Käfern und größeren Faltern, sind jedoch nur schlecht unter Deckgläsern konservierbar. Sie wurden vorsichtig auf doppelseitiges Klebeband aufgebracht, damit die Fragmente für eine spätere genaue Bestimmung leichter zugänglich sind. Alle Fotos wurden mit einer CANON-Kamera EOS 600D angefertigt, die über einen Fototubus auf einem Olympus-CH-2-Mikroskop montiert ist, wobei in der Regel mit 40-facher Vergrößerung gearbeitet wurde.

Die Ergebnisse der Kotanalysen wurden in Säulendiagrammen zusammengefasst. Die Höhe der Säulen dieser Diagramme gibt an, in wie viel Prozent der Pellets einer Probe Fragmente einer bestimmten Beutetiergruppe nachweisbar waren. In vielen Kotkrümeln überwogen die Bruchstücke einer Insektengruppe alle anderen Tiergruppen in Zahl und/oder Größe so deutlich, dass diese Beute als Hauptbeute der entsprechenden Kotpellets bezeichnet werden konnte. Um die Bedeutung dieser Beutetiergruppen über den ermittelten Häufigkeitswert hinaus sichtbar zu machen, wird über den Säulen in den Diagrammen die Zahl der Pellets angegeben, in der die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

Die DNA-Analysen

Die DNA-Analysen wurden durch die AIM (Advanced Identification Methods) GmbH München durchgeführt. Dabei wurde die NGS (Next-Generation-Sequencing) Methode eingesetzt. Dieses Verfahren der Hochdurchsatz-Sequenzierung wurde erst in den letzten Jahren entwickelt. Es beruht auf dem Prinzip der parallelen Sequenzierung von Millionen von DNA-Fragmenten in nur einem Sequenzier-Durchlauf (eine kurze Beschreibung dieser Methode durch die Firma AIM GmbH siehe Anhang oder Morinière et al. 2018). Dabei werden sogenannte „Primer“ eingesetzt, die als Startpunkte für die DNA-Polymerase dienen. Diese Primer werden spezifisch für die Suche nach bestimmten Beutetiergruppen hergestellt, was aber auch bedeutet, dass nicht alle Beutetierordnungen mit einem Primer gleich gut erfasst werden. Alle acht analysierten Proben wurden mit dem Primer COI (vgl. Morinière et al. 2018) sequenziert, die Probe vom 22.09.2018 aus Hoheim zusätzlich mit folgenden fünf Primern: 12 S, 16 S, CO HEX I, COII und CytB. Zusätzlich wurden die Proben vom 08.06.2018 und 12.07.2018 mit dem Primer 12 S, sowie die Probe vom 23.08.2018 mit dem Primer COII getestet, um prinzipiell die Unterschiede der durch die verschiedenen Primer entstehenden Beutetierlisten darzustellen.

„Die entstehenden umfangreichen Beutetierlisten sind durch zwei Größen gekennzeichnet: reads/OTU und HIT % ID range. OTUs (Operational Taxonomic Units) werden im Rahmen des bioinformatischen Prozesses aus Sequenzen (welche i. d. R. nicht unterschiedlicher als 2 % voneinander sind) gebildet. Reads/OTU gibt an, wie viele Sequenzen (reads) für eine detektierte OTU in der gesamten Analyse detektiert worden sind“ (Infoblatt der AIM-GmbH 2018). Diese Angaben geben Hinweise auf die Häufigkeiten der detektierten Beutetaxa. Je höher der Wert der reads/OTU ist, desto mehr Material

dieses speziellen Beutetieres lag in der Probe vor. Es ist jedoch dabei zu beachten, dass sich manche DNA-Abschnitte gut und schnell amplifizieren lassen, wogegen bei anderen die Vervielfältigung eher langsam und träge ist, was sich auf die Detektierbarkeit auswirkt. Auch werden manche Beutetiere von den Fledermäusen schneller und gründlicher verdaut als andere, hier ist ebenfalls mit Einschränkungen bei der Nachweisbarkeit zu rechnen, da von den stark verdauten Beutetaxa nur geringe DNA-Mengen im Kot erhalten sind. Werte gleich oder unter zehn reads/OTU sind in den erstellten Beutetierlisten zu vernachlässigen (J. Morinière, mdl. Mitt.).

Die HIT % ID range gibt an, wie weit eine detektierte OTU-Sequenz mit einer Referenzsequenz in der Vergleichsdatenbank überlappt. Nur Werte größer als 97 % sind ein sicheres Indiz für eine korrekte Artzuweisung.

3 Ergebnisse

3.1 Durch konventionelle Kotanalysen ermittelte Beutespektren

Die Proben aus Hoheim

Die folgenden Abbildungen 3 bis 7 zeigen die Säulendiagramme der Kotproben aus Hoheim aus der Zeit vom 20. Mai bis zum 22. September 2018.

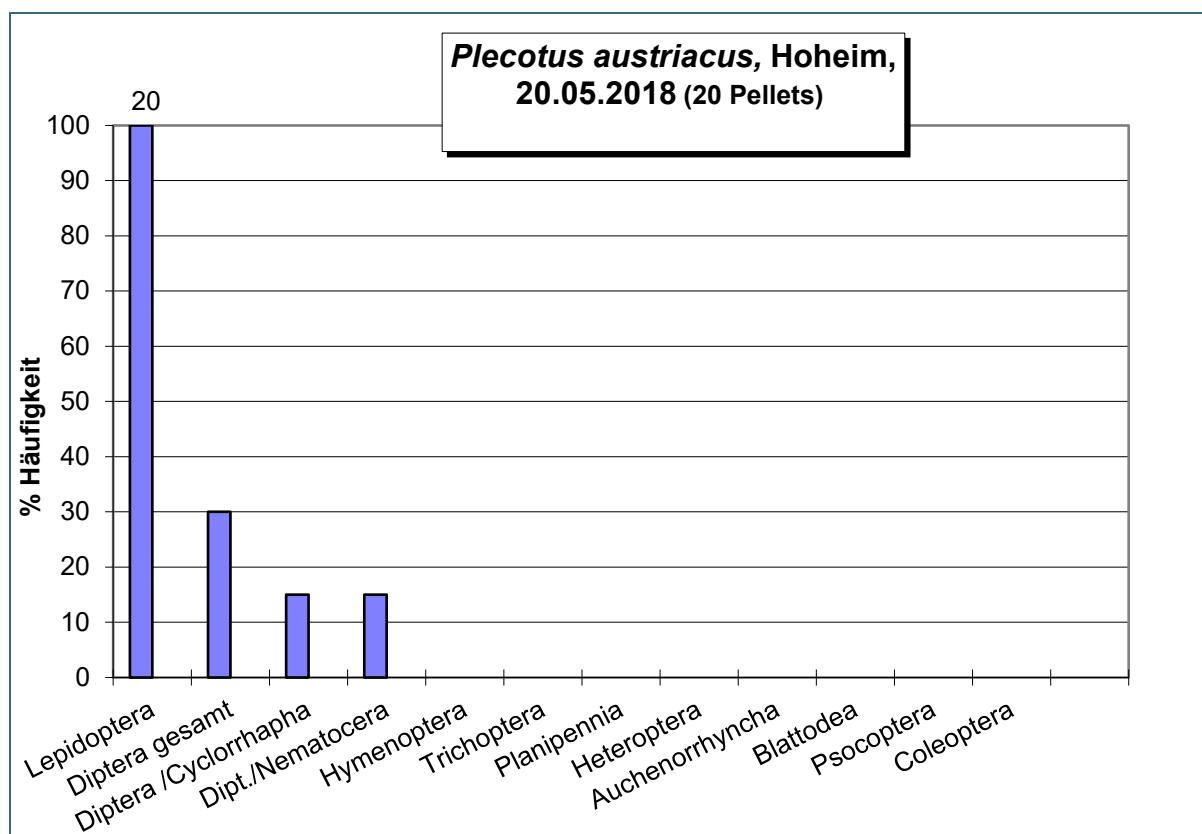


Abb. 3: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 20. Mai 2018. Die Zahl über der Säule gibt an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

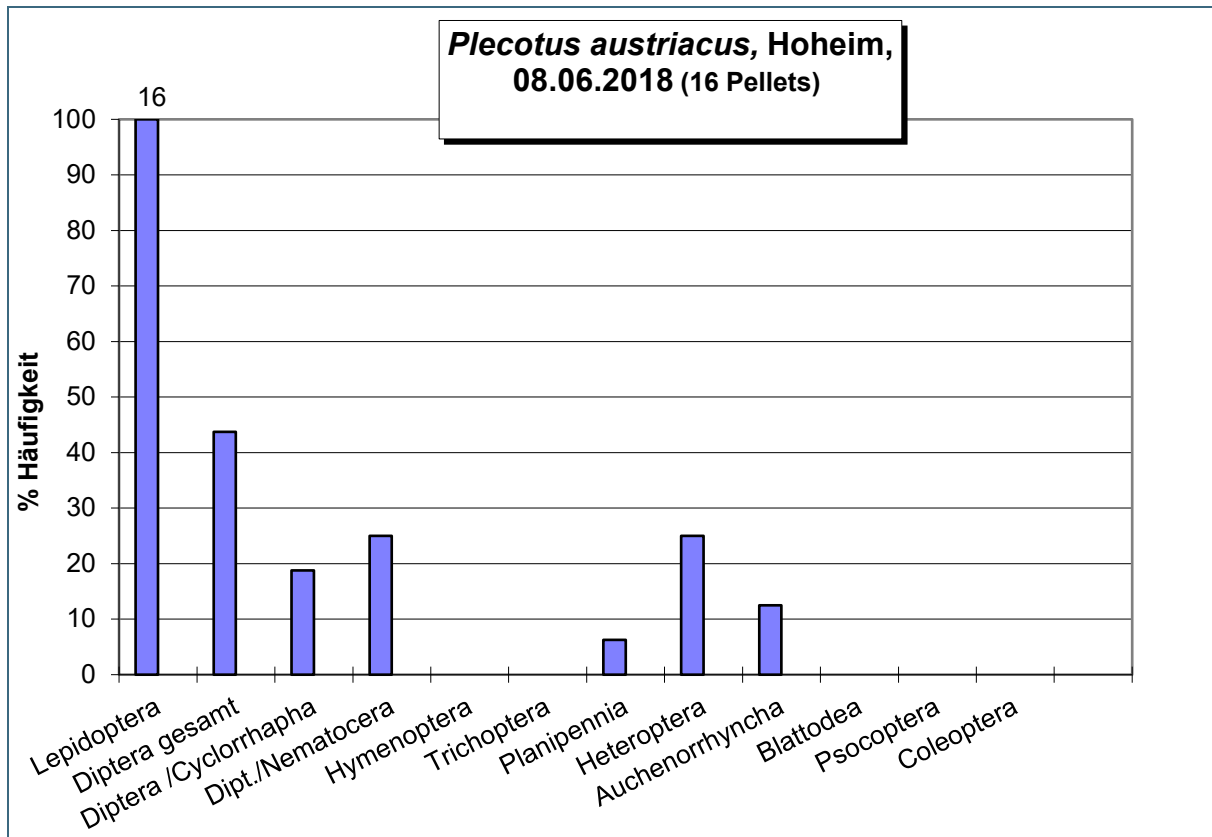


Abb. 4: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 08. Juni 2018. Die Zahl über der Säule gibt an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

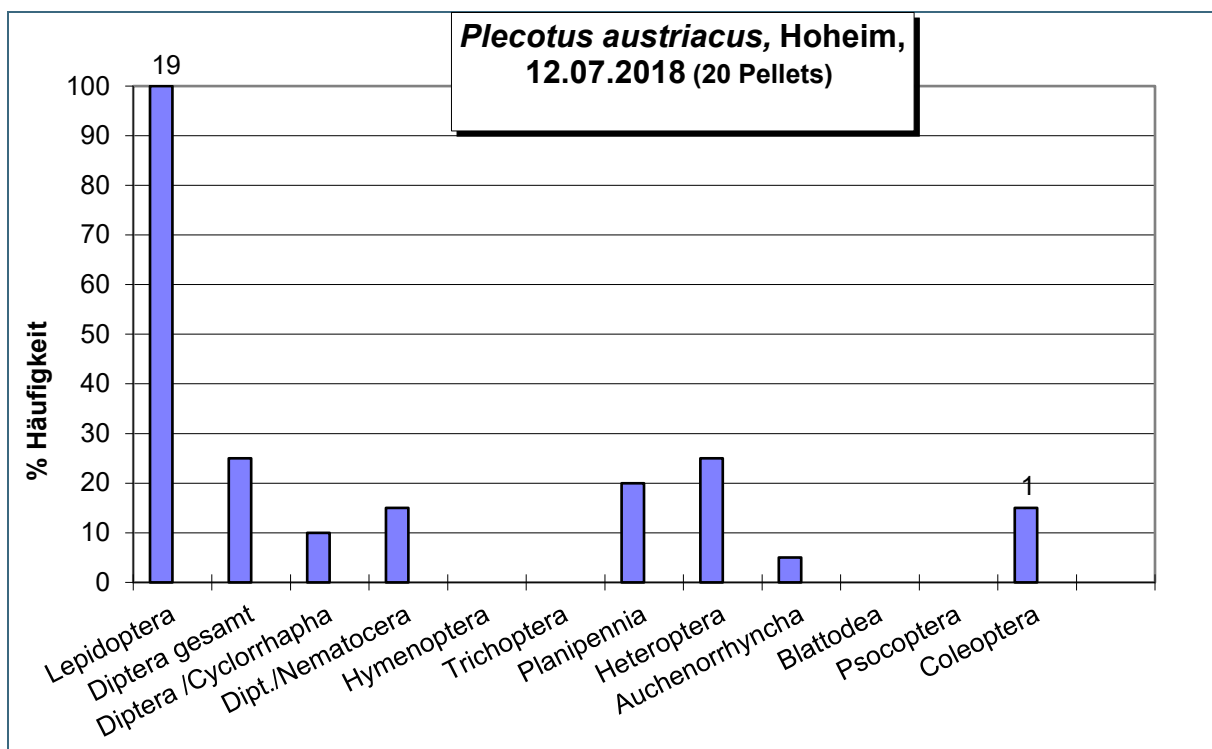


Abb. 5: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 12. Juli 2018. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

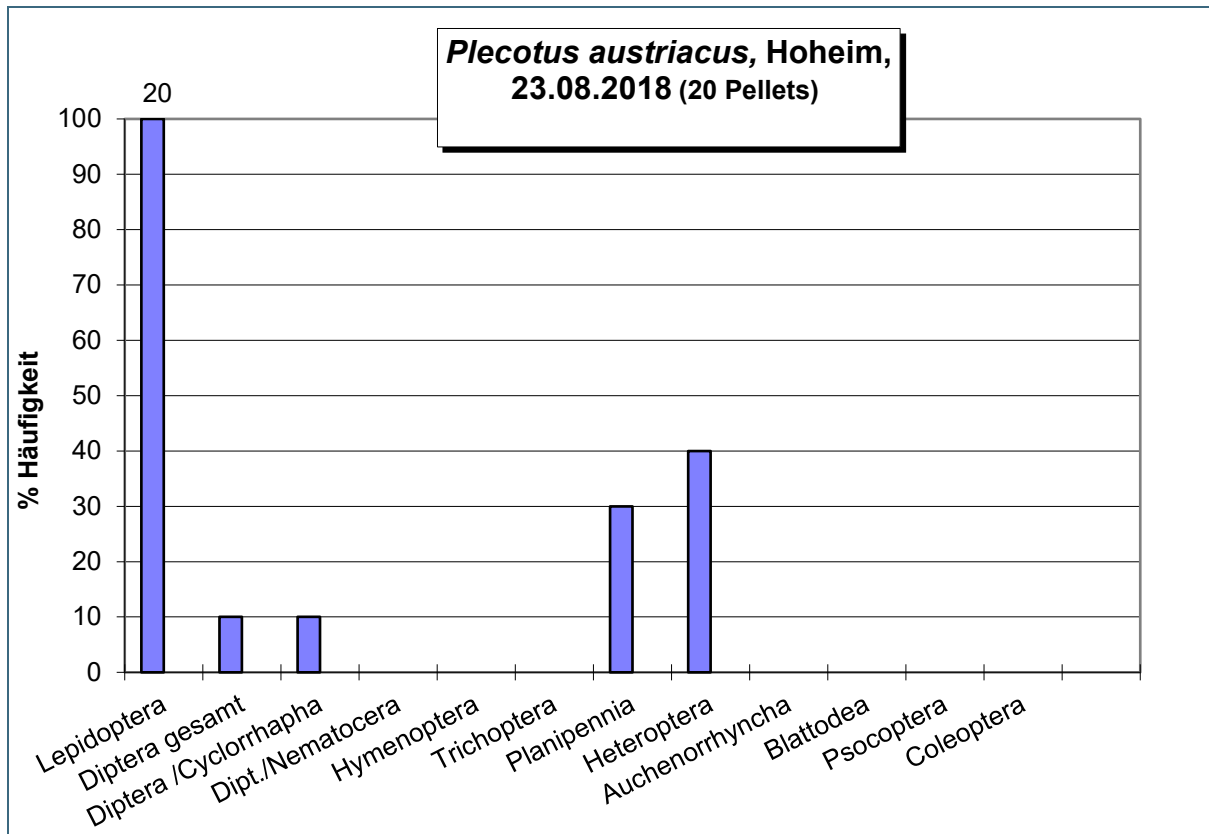


Abb. 6: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 23. August 2018. Die Zahl über der Säule gibt an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

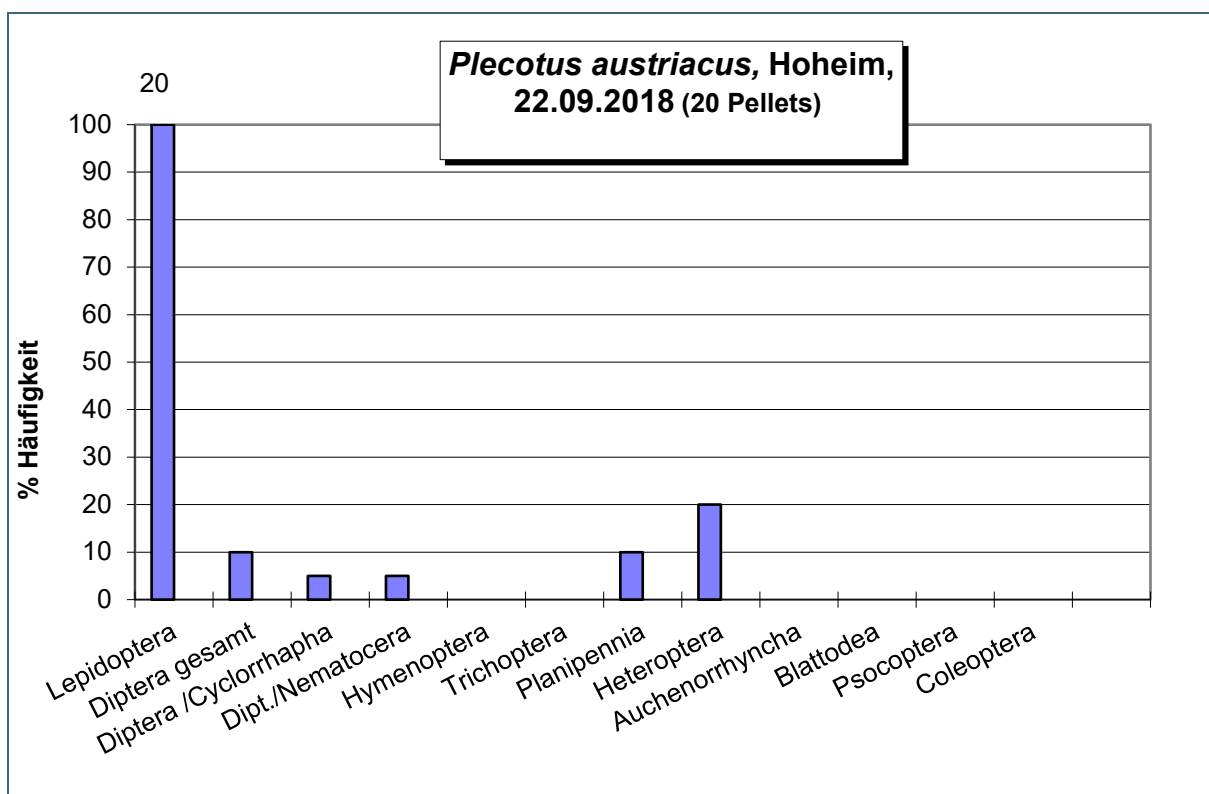


Abb. 7: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 22. September 2018. Die Zahl über der Säule gibt an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

Die Säulendiagramme zeigen für alle Kotsammeldaten eine weitgehend auf die Schmetterlinge fokussierte Beutewahl. In 95 der 96 aus dem Dachboden in Hoheim stammenden analysierten Kotpellets bildeten die Schmetterlinge die Hauptbeute, nur in einem Kotkrümel vom 12. Juli 2018 überwogen die Fragmente einer anderen Insektenordnung (Käfer) die Bruchstücke der Lepidoptera. Bei diesen Käfern handelte es sich um den Gerippten Brachkäfer oder Junikäfer *Amphimallon solstitiale*. Die Arterkennung war durch die typischen sehr groben Dornen an der Unterseite des Abdomens möglich. Besonders ausgeprägt war die Beschränkung auf die Lepidoptera am 20. Mai 2018, neben den Schmetterlingen fanden sich in dieser Probe lediglich Diptera als Beute der Fledermäuse. Mücken und Fliegen erreichten zusammen nur 30 % Häufigkeit. Ab Juni kamen weitere Beutetierordnungen hinzu: Netzflügler (Planipennia: Chrysopidae), Wanzen (Heteroptera: Miridae), Zikaden und Käfer.

Die Bestimmung von Schmetterlingsarten aus dem Kotmaterial der Grauen Langohren erwies sich als sehr schwierig. Es fanden sich insgesamt nur vereinzelt Bruchstücke männlicher Genitalien, die zudem meist stark beschädigt waren. Auch Tarsen- und Antennenfragmente, in den Kotpellets anderer Fledermausarten zum Teil häufig zu finden (Wolz 2018), fehlten oft. Viele Pellets enthielten ausschließlich Bruchstücke der Körperhülle und dicht gepackte Klumpen von Flügelschuppen. Trotzdem war es in einigen Fällen möglich, Beutetierarten zu identifizieren:

Noctua pronuba (Hausmutter, nur Weibchen) in den Proben vom 20. Mai, 08. Juni, 12. Juli und 22. September 2018 (Fragmente der weiblichen Genitalien);

Korscheltellus lupulina (Kleiner Hopfen-Wurzelbohrer) als Hauptbeute in 15 der 20 Pellets der Probe vom 20. Mai 2018 (Eier und Tarsenglieder);

Triodia sylvina (Ampfer-Wurzelbohrer) in mehreren Pellets der Proben vom 23. August und 22. September 2018 (Eier und Tarsenglieder);

Endromis versicolora (Birkenspinner) in der Probe vom 23. August 2018, Einzelfund (Schuppen);

Autographa gamma (Gamma-Eule) in den Proben vom 23. August und 22. September 2018 (Genitalbruchstück der Männchen) (vgl. Abbildung 8).



Abb. 8: Arttypischer Dorn aus dem männlichen Genital der Gamma-Eule *Autographa gamma*

Die Fliegen und Mücken wurden mit minimal 10 % Häufigkeit (niedrigster Wert am 23. August und 22. September) und maximal bis zu 43,8 % Häufigkeit (höchster Nachweiswert am 08. Juni) nachgewiesen. In der Regel waren dies bei den Mücken Weibchen der Tipulidae (Schnaken), gut erkennbar an vielen schwarzen Eihüllen, die die Pellets teilweise dunkel färbten. In einem Kotkrümel konnte anhand der Bruchstücke eines männlichen Hypopygiums (stark entwickeltes neuntes Segment des Abdomens mit unterschiedlich gestalteten, artcharakteristisch ausgeprägten Anhangsgebilden) die Art *Tipula lunata* identifiziert werden.

Im Juni fliegen die meisten Tipulidenarten, die zu dieser Jahreszeit auch ihre höchsten Populationsdichten erreichen. Die häufigen Insekten sind für die Fledermäuse eine leichte Beute.

Die Familie der Mycetophilidae (Pilzmücken) war in einem der Kotkrümel vom 22. September nachweisbar. Diese Insekten sind an den in typischer Weise in Reihen dunkelgrau beborsteten Beinbruchstücken, „fliegenartig“ wirkenden Flügelfragmenten und schnurförmigen Antennen mit hellbraunen oder grauen, rechteckigen Gliedern gut zu erkennen.

Auch Wanzen gehörten zur regelmäßigen Beute der Grauen Langohren aus Hoheim. Am 08. Juni und am 12. Juli erreichten sie 25 % Häufigkeit, am 23. August wurden sie sogar mit 40 % Häufigkeit registriert. Aus dem Bruchstückmaterial ließen sich mit Hilfe von Genitalbruchstücken der Männchen zwei Arten aus der Familie der Weichwanzen (Miridae) identifizieren: *Lygus gemellatus* und/oder *Lygus pratensis* (beide Arten sind anhand der gefundenen Fragmente nicht unterscheidbar) und *Adelphocoris lineolatus*. Abbildung 9 zeigt das arttypische Fragment von *Adelphocoris lineolatus*.



Abb. 9: Sklerite aus dem männlichen Genital der Weichwanze *Adelphocoris lineolatus*.

Langohrfledermäuse suchen regelmäßig feste Plätze auf, um dort die gefangene Beute vor dem Verschlucken zu bearbeiten, d. h. Beine, Flügel oder feste Elytren der Käfer abzubeißen. Diese Fraßplätze befinden sich teilweise auch innerhalb des Tagesquartieres, so dass man dort die auf die Böden herab gerieselten Beutereste finden kann. Aus diesen Resten können weitere Beutetiere der Fledermäuse ermittelt werden.

Am 23. August 2018 wurden im Dachboden des Pfarrhauses Hoheim zwei verschiedene Aufsammlungen vorgenommen. Einige wenige Flügel von Faltern und Florfliegen stammten aus wenigen Tagen kurz vor dem Sammeltermin, ein größeres Kontingent von Arthropodenresten hatte sich über einen längeren Zeitraum 2017/2018 angesammelt. Die letzten Insektenflügel wurden am 22. September im Quartier gefunden (Tabelle 4).

Die Tabellen 2, 3 und 4 zeigen die festgestellten Arthropoden.

Tab. 2: Aus der Aufsammlung 2017/2018 identifizierte Insektenreste als potentielle Beute der Grauen Langhoren aus Hoheim

Ordnung	Familie	Art	Deutscher Name	Anzahl
Heteroptera	Coreidae	<i>Leptoglossus occidentalis</i>	Amerikanische Kiefernwanze	Einzelfund
	Miridae		Weichwanzen	ein Kopf
Auchenorrhyncha			Zikaden	zwei Beine
Hymenoptera	Vespidae	<i>Vespa crabro</i>	Hornisse	drei Individuen
		<i>Vespula germanica</i>	Deutsche Wespe	vereinzelt
		<i>Vespula vulgaris</i>	Gemeine Wespe	vereinzelt
		<i>Dolichovespula sp.</i>	Langkopfwespen	vereinzelt
	Ichneumonidae		Schlupfwespen	Einzelfund
Coleoptera	Scarabaeidae	<i>Amphimallon solstitiale</i>	Gerippter Brachkäfer	–zwei bis drei
		<i>Rhizotrogus sp.</i>	Brachkäfer	Deckflügel
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis ipsilon</i>	Ypsiloneule	ein Flügel
		<i>Amphipyra tragopoginis</i>	Dreipunkt-Glanzeule	ein Flügel
		<i>Apamea monoglypha</i>	Große Grasbüscheleule	ein Flügel
		<i>Conistra rubiginosa</i>	Schwarzgefleckte Wintereule	41 Flügel
		<i>Euxoa cf. nigrofusca</i>	Weizeneule	ein Flügel
		<i>Noctua comes</i>	Breitflügelige Bandeule	ein Flügel
		<i>Noctua pronuba</i>	Hausmutter	ein Flügel
Neuroptera	Chrysopidae	<i>Chrysoperla carnea</i>	Gemeine Florfliege	viele
Trichoptera			Köcherfliegen	Einzelfund, zwei Beine
Diptera-Flügel			Zweiflügler	mind. vier Individuen
Raupenkopf				Einzelfund
Spinnen				verschiedene Arten

Tab. 3: Aus der zeitnahen Aufsammlung vom 23. August 2018 identifizierte Insektenreste als potentielle Beute der Grauen Langohren aus Hoheim

Ordnung	Familie	Art	Deutscher Name	Anzahl
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Conistra rubiginosa</i>	Schwarzgefleckte Wintereule	zwei Flügel
		<i>Amphipyra tragopoginis</i>	Dreipunkt-Glanzeule	vier Flügel
		<i>Amphipyra pyramidea</i>	Pyramideneule	ein Flügel
		<i>Anarta trifolii</i>	Meldenflureule	ein Flügel
Neuroptera	Chrysopidae		Florfliegen	

Tab. 4: Aus der Aufsammlung vom 22. September 2018 identifizierte Insektenreste als potentielle Beute der Grauen Langohren aus Hoheim

Ordnung	Familie	Art	Deutscher Name	Anzahl
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Conistra rubiginosa</i>	Schwarzgefleckte Wintereule	drei Flügel
		<i>Amphipyra tragopoginis</i>	Dreipunkt-Glanzeule	zwei Flügel
		<i>Anarta trifolii</i>	Meldenflureule	zwei Flügel
Hymenoptera	Formicidae		Ameisen	zwei Individuen
Diptera			Fliegen	ein Flügel
Neuroptera	Chrysopidae		Florfliegen	diverse Flügel

In Tabelle 2 wird unter den Hautflüglerresten auch die Hornisse *Vespa crabro* (mindestens drei Exemplare) genannt. Die Hornissenreste waren vor allem durch ihre Größe eindeutig von den Bruchstücken anderer Wespenarten unterscheidbar. Dabei handelte es sich nicht um Exemplare, die als ganze Individuen tot auf dem Dielenboden lagen und dann von Aasverwertern zerlegt wurden, sondern es war vor allem an den großen Fragmenten des Thorax gut zu erkennen, dass diese Insekten tatsächlich zerbissen worden waren. Wespen sind als Fledermausbeute bekannt (z. B. WOLZ 1992), ob tatsächlich auch Hornissen von Fledermäusen gefressen werden, ist in der Literatur nicht belegt. Es ist schwer vorstellbar, dass Graue Langohren solche große und wehrhafte Beute überwinden können.

Unter den nach den Flügelfunden bestimmten Schmetterlingen befinden sich zwei Arten, die gerne in Gebäuden und Höhlen übertagen, dort teils längere Perioden verbringen oder auch überwintern. Die Schwarzgefleckte Wintereule *Conistra rubiginosa* überwintert regelmäßig in Gebäuden und ist dort auch an warmen Wintertagen aktiv. Von ihr wurden in der Aufsammlung des Zeitraums 2017/2018 41 Flügel gefunden. *Amphipyra tragopoginis*, die Dreipunkt-Glanzeule, sucht im Sommer und Spätsommer in dunkleren Quartieren gerne Zuflucht (R. Bolz, mdl. Mitt.). Beide Arten wurden daher vermutlich von den Grauen Langohren aus Hoheim innerhalb des Quartieres erbeutet.

Bemerkenswert unter den aufgesammelten Insektenresten ist der Flügel der Amerikanischen Kiefernwanze (Koniferen-Samen-Wanze) *Leptoglossus occidentalis*. Dieses Insekt ist ein sogenanntes Neozoon, ein neu eingewandertes Tier. Es wurde im Jahr 1999 zum ersten Mal in Europa in Norditalien gefunden und breitet sich seither über Spanien, die Südschweiz, Slowenien und Kroatien aus. Im Jahr 2005 erreichte die Amerikanische Kiefernwanze Österreich (Wachmann et al. 2007). In Bayern war *Leptoglossus occidentalis* im Sommer 2018 ausgesprochen häufig zu beobachten (R. Büttner, mdl. Mitt.), da sich aufgrund der anhaltend milden Witterung eine zweite Generation entwickeln konnte.

Die Proben aus Aresing

Die Abbildungen 10 bis 13 zeigen die Beutespektren der vier Proben aus Aresing.

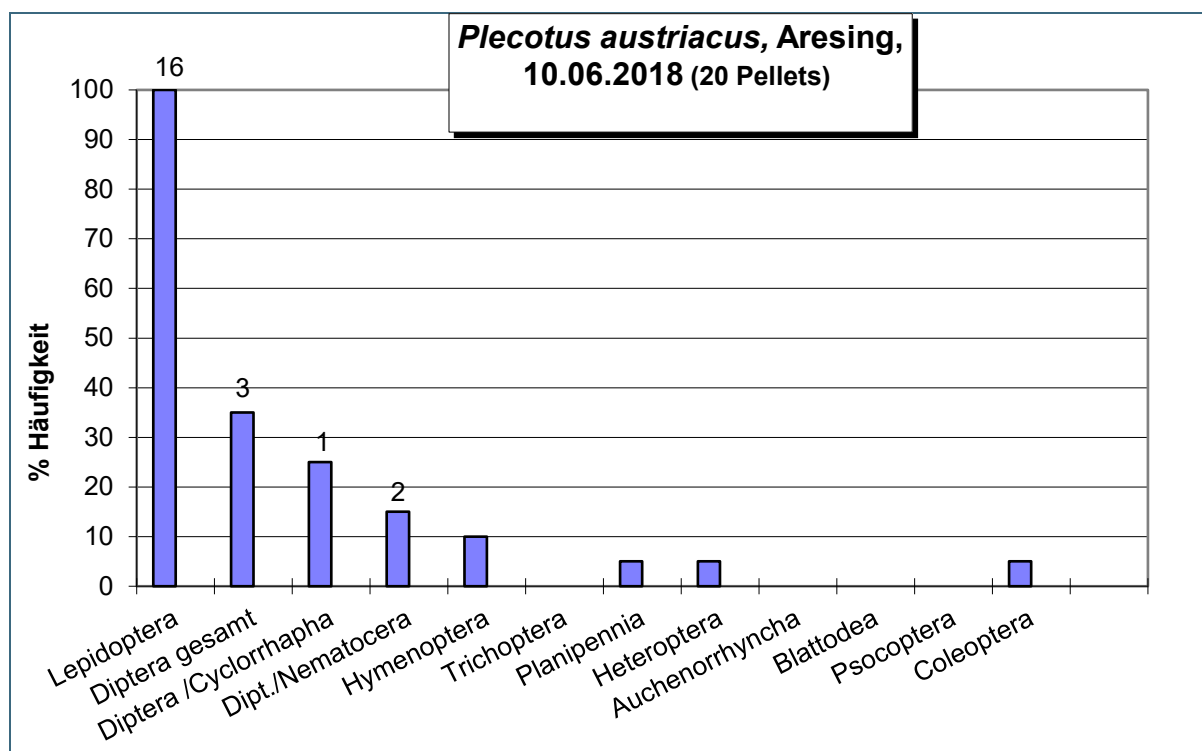


Abb. 10: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 10. Juni 2018. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

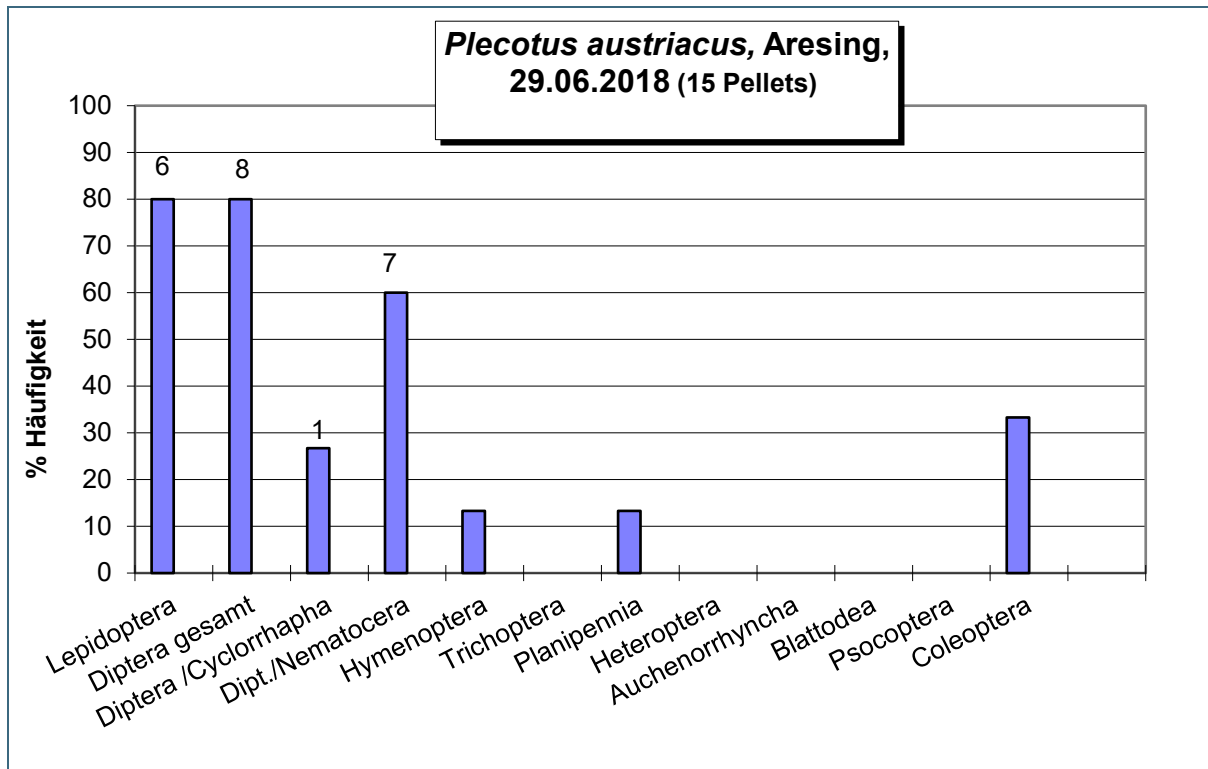


Abb. 11: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 29. Juni 2018. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

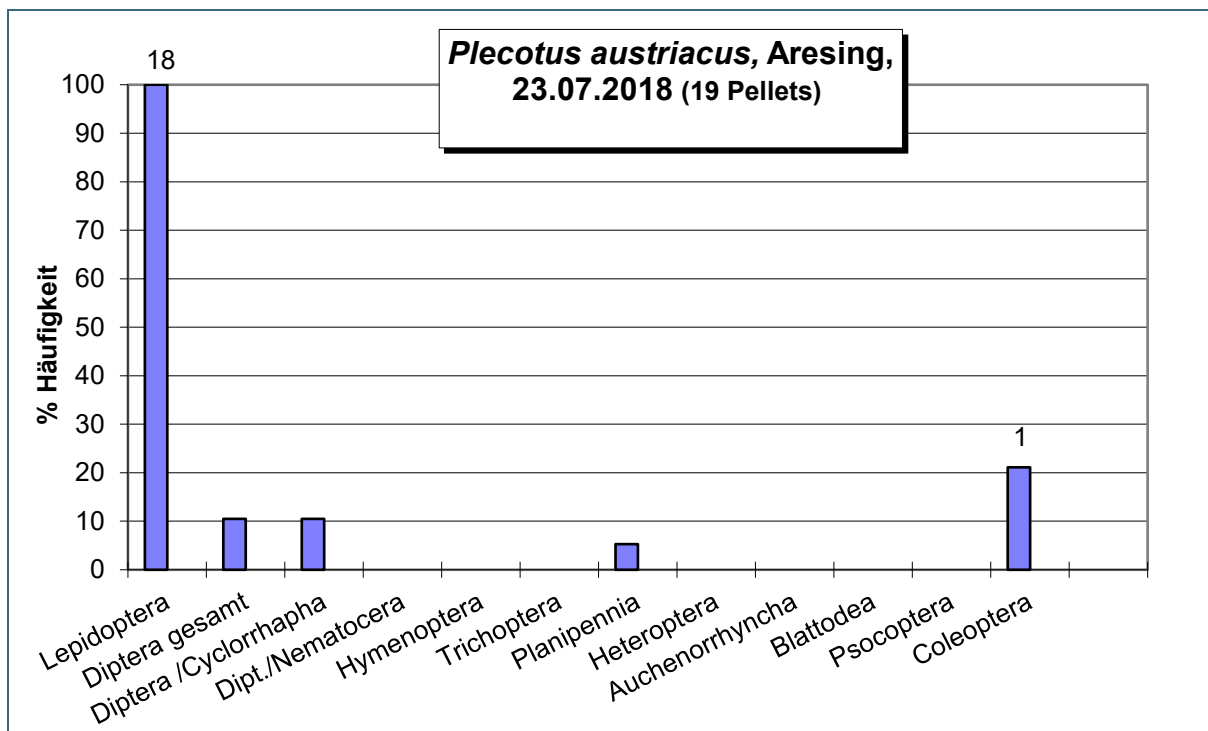


Abb. 12: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 23. Juli 2018. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

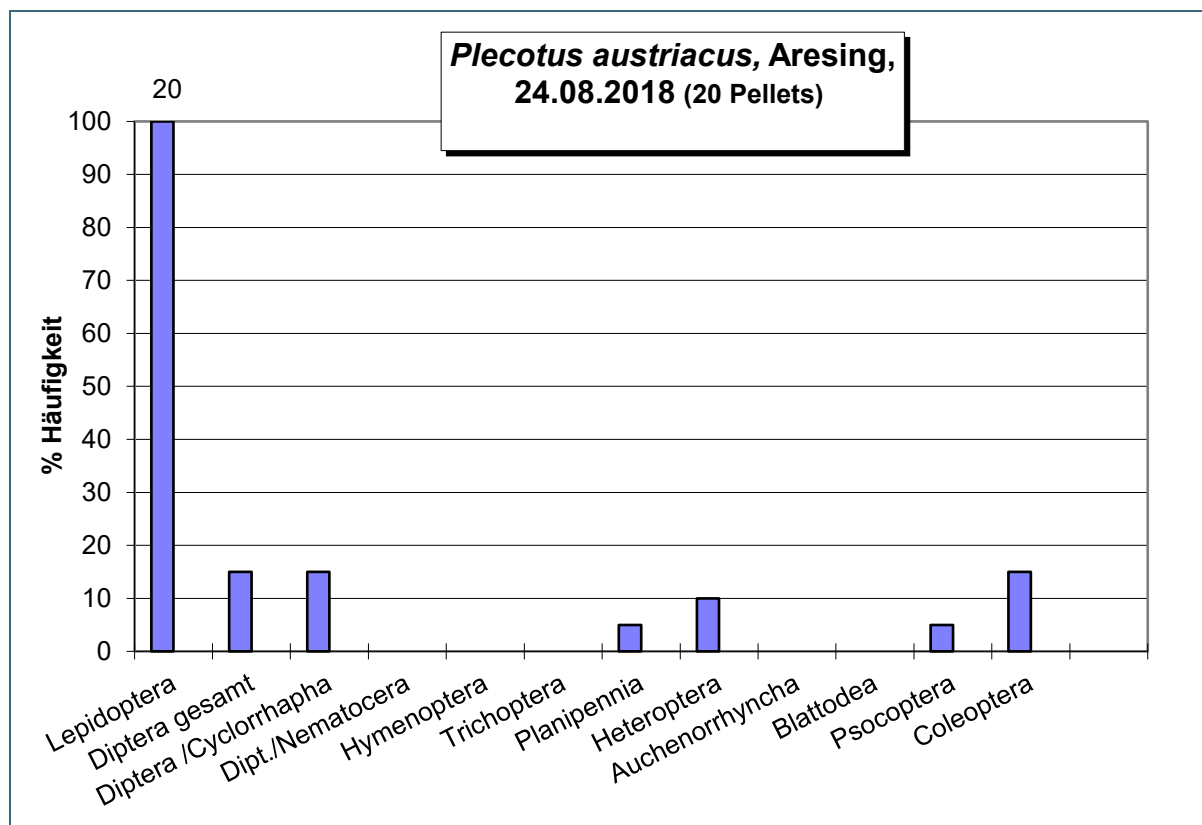


Abb. 13: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 24. August 2018. Die Zahl über der Säule gibt an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

Auch die Grauen Langohren aus Aresing beschränkten sich bei ihrer Beutewahl weitgehend auf die Schmetterlinge. In 60 der 74 von diesem Quartier analysierten Pellets stellten sie die Hauptbeute.

Wie die Proben aus Hoheim enthielten auch die Kotpellets aus Aresing wenig verwertbares Bruchstückmaterial, das sich zur Artbestimmung der erbeuteten Schmetterlinge eignete. Als Arten wurden lediglich *Noctua pronuba* (Hausmutter, zwei Funde am 24. August), *Korscheltellus lupulina* (Kleiner Hopfen-Wurzelbohrer, zwei Funde am 10. Juni), *Triodia sylvina* (Ampfer-Wurzelbohrer, mehrere Funde in der Probe vom 24. August, in dieser Probe vermutlich Hauptbeute), *Autographa gamma* (Gamma-Eule, zwei Funde am 23. Juli), *Agrotis* sp. (die Arten *Agrotis exclamationis* (Ausrufungszeichen) und *Agrotis segetum* (Saateule) sind an dem gefundenen Fragment des männlichen Genitals nicht unterscheidbar, je ein Fund am 23. Juli und 24. August) und der Maiszünsler *Ostrinia nubilalis* (23. Juli) identifiziert (vgl. Abbildung 14).



Abb. 14: Arttypisches Fragment aus dem männlichen Genital eines Maiszünslers *Ostrinia nubilalis*

Wie auch in Hoheim dominierten die Gerippten Brachkäfer (*Amphimallon solstitiale*) zu ihrer Hauptflugzeit einen Kotkrümel der Juliprobe. Von größerer Bedeutung als in Hoheim waren jedoch die Zweiflügler als Beute der Fledermäuse. Sie bildeten in drei Krümeln die Hauptbeute: Am 10. Juni (einmal die Fliegen, zweimal die Mücken) sowie in acht Kotkrümeln am 29. Juni (in einem Pellet die Fliegen, in sieben Pellets die Mücken). Bei den Mücken handelte es sich dabei – soweit erkennbar – ausschließlich um Vertreter der Tipulidae, die im Juni zum Teil hohe Populationsdichten erreichen können. Anhand der Hypopyg-Bruchstücke der Männchen konnte die Art *Tipula nubeculosa* identifiziert werden, Cerci-Spitzen der Weibchen stammten entweder von *Tipula nubeculosa* oder *Tipula scripta*.

Am 10. Juni und am 29. Juni stellten die Fliegen in je einem Kotkrümel die Hauptbeute. Von Fliegenfragmenten dominierte Kotkrümel sind meist tiefschwarz, zum Teil sind grünlich oder bläulich glänzende Panzerbruchstücke der Beuteinsekten bereits von außen sichtbar. Fliegen sind als meist tagaktive Arthropoden für Fledermäuse wie die Grauen Langohren, die ihre Nahrung nicht von Laub oder anderen Flächen absammeln, keine häufige Beute. Es gibt jedoch auch Fliegenfamilien, z. B. die sogenannten Clusterfliegen (Polleniidae), die zum Teil in großer Zahl in Häuser oder Dachböden einfliegen und dort bis in die Abenddämmerung aktiv sind. Solche Insekten sind für die Fledermäuse direkt in der Umgebung ihrer Hangplätze bereits vor dem abendlichen Ausflug leicht zu fangen und werden offensichtlich gerne erbeutet (Wolz 2018). Die meisten Bruchstücke der Fliegen ließen sich nicht weiter zuordnen, ein Fragment ermöglichte die Bestimmung der Art *Pollenia rudis*. Abbildung 15 zeigt das arttypische Bruchstück von *Pollenia rudis*, den Distiphallus der Männchen.



Abb. 15: Distiphallus eines Männchens der Fliegenart *Pollenia rudis*

Wanzen waren in den Proben aus Aresing nur selten vertreten (mit 10 % Häufigkeit in der Probe vom 24. August), die Netzflügler (Neuroptera, Fam. Chrysopidae) erreichten Werte bis maximal 13,3 % Häufigkeit (29. Juni). Hautflügler (fehlten in den Proben aus Hoheim) fanden sich am 10. Juni (10 % Häufigkeit) und am 29. Juni (13,3 % Häufigkeit). Am 10. Juni stammte ein Fragmentfund von einer Ameise, die restlichen Bruchstücke aus beiden Proben ließen sich Hautflüglern des Ophioninae-Typs zuordnen, ein Tarsenkrallepaar stammte von einem Männchen.

In einem Kotkrümel der Probe vom 24. August konnten zahlreiche Bruchstücke von geflügelten Rindenläusen (Psocoptera) nachgewiesen werden.

Nur ein Falterflügel fand sich im Quartier der Fledermäuse in Aresing, dieser gehörte zu dem Noctuiden *Xestia c-nigrum* (Schwarzes C), einer überall häufig fliegenden Art (R. Bolz, mdl. Mitt.).

Bei den Telemetriexperimenten im Frühjahr 2019 wurden im Jagdgebiet einzelne Schmetterlinge per Hand gefangen. Es handelte sich um die beiden Arten *Ecliptoptera silacea* (Braunleibiger Springkrautspanner) und *Odontoptera bidentata* (Doppelzahnspanner) (R. Bolz, mdl. Mitt.). Beide flogen in der Nacht vom 3. auf den 4. Mai in ein bis zwei Meter Höhe über einem Waldweg in einem eintönigen Koniferenforst, bestehend aus Altkiefern und dicht stehenden Fichten. Die telemetrierten Langohrflie-

dermäuse jagten fast ausschließlich in diesem Wald (Nachtaktiv 2020). Trotzdem wurden beide Falterarten weder mit der Kotanalyse noch mit der DNA-Untersuchung als Beutetiere erkannt. Ein weiterer, häufig fliegender Falter wurde etwas später im Jahr ebenfalls im Jagdgebiet der Fledermäuse beobachtet, dabei handelte es sich um den Brombeer-Blattspanner *Mesoleuca albiciliata* (R. Bolz, mdl. Mitt.). Auch dieser wurde bei den Untersuchungen nicht als Beutetier nachgewiesen.

3.2 Durch DNA-Analyse ermittelte Beutespektren

Die Proben aus Hoheim

Die Ergebnisse der DNA-Analysen wurden von der AIM-GmbH in umfangreichen Excel-Listen präsentiert. So umfasste die Liste mit den Ergebnissen der sieben Kotproben von Mai, Juni und Juli insgesamt 114 Gattungen und Arten.

Es zeigte sich, dass der größte Teil der durch die konventionelle Analyse ermittelten Beutetiere auch durch die DNA-Analyse bestätigt wurde. Lediglich die Mückenart *Tipula scripta* und der Schmetterling *Endromis versicolora* wurden durch die genetische Untersuchung nicht bestätigt. Dies kann auch daran liegen, dass für die DNA-Analyse methodisch bedingt zwangsläufig andere Kotpellets verwendet wurden als für die konventionelle Kotuntersuchung. Natürlich enthalten nicht alle Pellets einer Probe die Fragmente sämtlicher Beutetiere.

Eine Überprüfung der Ergebnislisten der AIM-GmbH zeigte, dass eine ganze Reihe der angegebenen Taxa aus verschiedenen Gründen keine Beute der Fledermäuse gewesen sein konnte. Dazu gehörten z. B. flugunfähige Collembolen (Springschwänze) und Diplopoden (Tausendfüßer). Erst wenn man alle Taxa mit Werten unter oder gleich zehn für die reads/OTU und unter 97 % für die HIT% ID range aus den Listen streicht, ergibt sich eine weitgehend glaubhafte Zusammenstellung der von den Fledermäusen erbeuteten Arthropoden (s. Methodik, Abschn. 2.2).

Die folgenden Tabellen geben diese selektierten Listen für die fünf Sammeltermine in Hoheim an.

Auch nach der Streichung einer ganzen Reihe von Arten, die nicht als primäre Beute der Fledermäuse bezeichnet werden können (Bakterien, Pilze (Penicillium-Arten), Milben, Würmer) verbleiben weitere fragliche Taxa in der Ergebnisliste. Dies war z. B. *Tomocerus minor*, ein Springschwanz, der vermutlich seine DNA-Spuren auf den Kotproben der Fledermäuse hinterlassen hat. Warum jedoch eine marine Krabbe (*Peltarion spinulosum*), eine Quallengattung (*Marrus* sp.) und der Vulkan-Zahnkärpfling *Aphyosemion volcanum* (ein Zierfisch aus der Gruppe der Prachtkärpflinge, der ursprünglich aus Kamerun stammt) als Beutetiere der Fledermäuse detektiert wurden, bleibt rätselhaft. Die Bengalkatze *Prionailurus bengalensis* erzielte 171 reads/OTU, hier fehlt die Angabe für die HIT% ID range. Die beiden nachgewiesenen Arten Rothirsch (*Cervus elaphus*) und Waschbär (*Procyon lotor*) sind nach Auskunft der AIM-GmbH (J. Morinière, mdl. Mitt.) auf möglicherweise eingeschleppte Umweltpuren zurückzuführen.

Tab. 5: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 20. Mai 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Diptera	Chironomidae	<i>Tanytus</i>	<i>Tanytus punctipennis</i>	24	97.7% to 97.7%
Diptera	Chironomidae	<i>Tanytarsus</i>	<i>Tanytarsus mendax</i>	35	100% to 100%
Odonata	Coenagrionidae	<i>Ceriagrion</i>	<i>Ceriagrion auranticum</i>	37	100% to 100%
Lepidoptera	Cossidae	<i>Cossus</i>	<i>Cossus cossus</i>	28	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Thisanotia</i>	<i>Thisanotia chrysonuchella</i>	93	100% to 100%
Coleoptera	Dermestidae	<i>Attagenus</i>	<i>Attagenus pellio</i>	25	100% to 100%
Coleoptera	Dytiscidae	<i>Platambus</i>	<i>Platambus maculatus</i>	33	100% to 100%
Diptera	Fanniidae	<i>Fannia</i>	<i>Fannia sociella</i>	16	99.54% to 99.54%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Korscheltellus</i>	<i>Korscheltellus lupulina</i>	9.463 reads/ 2 OTUs	97.7% to 100%
Diptera	Limoniidae	<i>Metalimnobia</i>	<i>Metalimnobia quadrimaculata</i>	13	99.53% to 99.53%
Diptera	Muscidae	<i>Muscina</i>	<i>Muscina levida</i>	63	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis exclamationis</i>	3.203	98.45% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis ipsilon</i>	20	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis segetum</i>	74	95.9% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Apamea</i>	<i>Apamea sordens</i>	18	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>	4.594	95.4% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Diachrysia</i>	<i>Diachrysia chrysitis</i>	18	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Hoplodrina</i>	<i>Hoplodrina blanda</i>	15	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Lacanobia</i>	<i>Lacanobia oleracea</i>	18	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Lacanobia</i>	<i>Lacanobia w-latinum</i>	35	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna albipuncta</i>	349	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>	8.341 reads/ 2 OTUs	98.6% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Xestia</i>	<i>Xestia sp.</i>	25	98.6% to 100%
Diptera	Psychodidae	<i>Clytocerus</i>	<i>Clytocerus ocellaris</i>	56	100% to 100%
Lepidoptera	Pyrilidae	<i>Aphomia</i>	<i>Aphomia sociella</i>	1.220	88.9% to 100%
Hymenoptera	Vespidae	<i>Vespula</i>	<i>Vespula germanica</i>	38	100% to 100%

Tab. 6: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 08. Juni 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Coleoptera	Dytiscidae	<i>Platambus</i>	<i>Platambus maculatus</i>	25	100% to 100%
Diptera	Empididae	<i>Empis</i>	<i>Empis stercorea</i>	20	100% to 100%
Diptera	Tipulidae	<i>Tipula</i>	<i>Tipula lunata</i>	63	100% to 100%
Lepidoptera	Erebidae	<i>Herminia</i>	<i>Herminia tarsipennalis</i>	3728	97.7% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Korscheltellus</i>	<i>Korscheltellus lupulina</i>	18.774 reads/ 2 OTUs	97.7% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Abrostola</i>	<i>Abrostola triplasia</i>	227	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis exclamationis</i>	819	98.45% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis segetum</i>	67	95.9% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Apamea</i>	<i>Apamea anceps</i>	2.419	97.7% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Lacanobia</i>	<i>Lacanobia w-latinum</i>	1.333	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna albipuncta</i>	169	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna oxygala</i>	11	91.7% to 99.04%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna pallens</i>	2.718	98.6% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna yukonensis</i>	128	91.7% to 99.04%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Xestia</i>	<i>Xestia sp.</i>	2.042	98.6% to 100%
Odonata	Coenagrionidae	<i>Ceriagrion</i>	<i>Ceriagrion auranticum</i>	14	100% to 100%
Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis brunnea</i>	2.649 reads/ 2 OTUs	98.1% to 100%

Tab. 7: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 12. Juli 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Araneae	Linyphiidae	<i>Maso</i>	<i>Maso sundevalli</i>	34	100% to 100%
Araneae	Salticidae	<i>Pseudeuophrys</i>	<i>Pseudeuophrys lanigera</i>		100% to 100%
Coleoptera	Scarabaeidae	<i>Amphimallon</i>	<i>Amphimallon solstitiale</i>	24	92.2% to 100%
Diptera	Ulidiidae	<i>Physiphora</i>	<i>Physiphora alceae</i>	499	100% to 100%
Haplotaxida	Lumbricidae	<i>Eisenia</i>	<i>Eisenia eiseni</i>	30	99.1% to 99.1%
Hymenoptera	Formicidae	<i>Tetramorium</i>	<i>Tetramorium caespitum</i>	35	100% to 100%

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Lepidoptera	Crambidae	<i>Chilo</i>	<i>Chilo phragmitella</i>	4.488 reads/ 3 OTUs	97.7% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Chrysoteuchia</i>	<i>Chrysoteuchia culmella</i>	1.233 reads/ 2 OTUs	99.53% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Crambus</i>	<i>Crambus perlella</i>	4214	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Ostrinia</i>	<i>Ostrinia nubilalis</i>	6.706	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Pediasia</i>	<i>Pediasia luteella</i>	362	100% to 100%
Lepidoptera	Erebidae	<i>Aristaria</i>	<i>Aristaria</i>	12	96.8% to 96.8%
Lepidoptera	Geometridae	<i>Idaea</i>	<i>Idaea rusticata</i>	274	100% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Korscheltellus</i>	<i>Korscheltellus lupulina</i>	3.547 reads/ 2 OTUs	97.7% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Abromias</i>	<i>Abromias monoglypha</i>	1.223	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Acronicta</i>	<i>Acronicta rumicis</i>	1.915	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis exclamationis</i>	258	98.45% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Apamea</i>	<i>Apamea anceps</i>	3.217 reads/ 3 OTUs	97.7% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Apamea</i>	<i>Apamea lithoxyloae</i>	140	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>	6.403	95.4% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Axyليا</i>	<i>Axyليا putris</i>	1.008	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Caradrina</i>	<i>Caradrina morpheus</i>	42	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Chilodes</i>	<i>Chilodes maritima</i>	5.301 reads/ 2 OTUs	97.2% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Homorthodes</i>	<i>Homorthodes perturba</i>	33	98.6% to 98.6%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Hoplodrina</i>	<i>Hoplodrina octogenaria</i>	22	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Lacanobia</i>	<i>Lacanobia oleracea</i>	67	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Macdunnoughia</i>	<i>Macdunnoughia confusa</i>	13	99.53% to 99.53%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mamestra</i>	<i>Mamestra brassicae</i>	1.531	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna impura</i>	25	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Polyphaenis</i>	<i>Polyphaenis sericata</i>	168	100% to 100%
Lepidoptera	Pyrilidae	<i>Synaphe</i>	<i>Synaphe punctalis</i>	26	99.1% to 99.1%
Lepidoptera	Sphingidae	<i>Deilephila</i>	<i>Deilephila porcellus</i>	2.553	98.2% to 99.53%
Lepidoptera	Tortricidae	<i>Epiblema</i>	<i>Epiblema scutulana</i>	34	100% to 100%
Lepidoptera	Tortricidae	<i>Eucosma</i>	<i>Eucosma conterminana</i>	75	100% to 100%
Neuroptera	Chrysopidae	<i>Chrysoperla</i>	<i>Chrysoperla carnea</i>	1.062	100% to 100%

Tab. 8: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 23. August 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Coleoptera	Scarabaeidae	<i>Amphimallon</i>	<i>Amphimallon solstitiale</i>	290 reads/ 2 OTUs	98.4% to 100%
Diptera	Ulidiidae	<i>Myennis</i>	<i>Myennis octopunctata</i>	83	99.7% to 99.7%
Hemiptera	Cicadellidae	<i>lassus</i>	<i>lassus lanio</i>	14	98.71% to 99.67%
Hymenoptera	Tenthredinidae	<i>Cladius</i>	<i>Cladius pectinicornis</i>	229 reads/ 2 OTUs	93.9% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Agriphila</i>	<i>Agriphila inquinatella</i>	50	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Chilo</i>	<i>Chilo phragmitella</i>	193	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Ostrinia</i>	<i>Ostrinia nubilalis</i>	59	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Pediasia</i>	<i>Pediasia luteella</i>	622	100% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Korscheltellus</i>	<i>Korscheltellus lupulina</i>	10.506 reads/ 6 OTUs	95.2% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Triodia</i>	<i>Triodia sylvina</i>	15.848 reads/ 9 OTUs	96.5% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Triodia</i>	<i>Triodia sylvina</i>	2.713 reads/ 3 OTUs	95.8% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Actinotia</i>	<i>Actinotia polyodon</i>	561	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis exclamationis</i>	228	98.48% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis ipsilon</i>	502	97.71% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis segetum</i>	562	95.5% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>	1.008	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Caradrina</i>	<i>Caradrina morpheus</i>	37	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Hoplodrina</i>	<i>Hoplodrina ambigua</i>	142	94.2% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Macdunnoughia</i>	<i>Macdunnoughia confusa</i>	56	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mamestra</i>	<i>Mamestra brassicae</i>	130	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mesapamea</i>	<i>Mesapamea secalella</i>	41	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna albipuncta</i>	15	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua comes</i>	12	99.67% to 99.67%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>	49	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Xestia</i>	<i>Xestia sp.</i>	160	100% to 100%
Lepidoptera	Notodontidae	<i>Thaumetopoea</i>	<i>Thaumetopoea processio- nea</i>	84	100% to 100%
Lepidoptera	Pyrilidae	<i>Achroia</i>	<i>Achroia grisella</i>	19	100% to 100%
Lepidoptera	Pyrilidae	<i>Synaphe</i>	<i>Synaphe punctalis</i>	50	99.4% to 99.4%
Lepidoptera	Tortricidae	<i>Celypha</i>	<i>Celypha striana</i>	31	100% to 100%

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Neuroptera	Chrysopidae	<i>Chrysoperla</i>	<i>Chrysoperla carnea</i>	520	100% to 100%
Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis brunnea</i>	11	100% to 100%

Tab. 9: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 22. September 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads / OTU	HIT% ID range
Entomobryomorpha	Tomoceridae	<i>Tomocerus</i>	<i>Tomocerus minor</i>	25	99.4% to 99.4%
Diptera	Chironomidae	<i>Orthocladius</i>	<i>Orthocladius sp.</i>	15	??
Diptera	Chironomidae	<i>Tanytus</i>	<i>Tanytus punctipennis</i>	11	98.38% to 98.38%
Diptera	Chironomidae	<i>Tanytarsus</i>	<i>Tanytarsus lestagei</i>	10	99.7% to 99.7%
Diptera	Chironomidae	<i>Tanytarsus</i>	<i>Tanytarsus mendax</i>	40	98.35% to 99.67%
Diptera	Limoniidae	<i>Metalimnobia</i>	<i>Metalimnobia quadrimaculata</i>	23	99.67% to 99.67%
Diptera	Mydidae	<i>Apiophora</i>	<i>Apiophora quadricinctata</i>	43	??
Diptera	Psychodidae	<i>Clytocerus</i>	<i>Clytocerus ocellaris</i>	14	94.24% to 100%
Diptera	Tachinidae	<i>Blondelia</i>	<i>Blondelia nigripes</i>	124	100% to 100%
Diptera				49 reads/ 5 OTUs	??
Diptera				10	98.78% to 98.78%
Diptera				14	99.4% to 99.4%
Hemiptera	Anthocoridae	<i>Tetraphleps</i>	<i>Tetraphleps latipennis</i>	5.153 reads/ 5 OTUs	??
Hemiptera	Cicadellidae	<i>Eupteryx</i>	<i>Eupteryx sp.</i>	10	??
Hemiptera	Cicadellidae	<i>Orientus</i>	<i>Orientus ishidae</i>	315	100% to 100%
Hemiptera	Miridae	<i>Lygus</i>	<i>Lygus rugulipennis</i>	95	??
Hemiptera	Pentatomidae	<i>Rhacognathus</i>	<i>Rhacognathus americanus</i>	1.954 reads/ 10 OTUs	??
Hymenoptera	Formicidae			20	??
Hymenoptera	Tenthredinidae	<i>Cladius</i>	<i>Cladius pectinicornis</i>	22	97.5% to 100%
Hymenoptera	Vespidae	<i>Vespula</i>	<i>Vespula vulgaris</i>	44	100% to 100%
Lepidoptera	Coleophoridae	<i>Coleophora</i>	<i>Coleophora sp.</i>	196	
Lepidoptera	Crambidae	<i>Chilo</i>	<i>Chilo phragmitella</i>	869	100% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Haimbachia</i>	<i>Haimbachia arizonensis</i>	16	
Lepidoptera	Crambidae	<i>Pediasia</i>	<i>Pediasia luteella</i>	34	100% to 100%

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads / OTU	HIT% ID range
Lepidoptera	Erebidae	<i>Hypena</i>	<i>Hypena proboscidalis</i>	22	98.7% to 99.07%
Lepidoptera	Erebidae	<i>Rivula</i>	<i>Rivula sericealis</i>	741	93.9% to 100%
Lepidoptera	Geometridae	<i>Lycia</i>	<i>Lycia zonaria</i>	17	100% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Korscheltellus</i>	<i>Korscheltellus lupulina</i>	84	99.7% to 99.7%
Lepidoptera	Hepialidae	<i>Triodia</i>	<i>Triodia sylvina</i>	36.214	94.1% to 100%
Lepidoptera	Lasiocampidae	<i>Euthrix</i>	<i>Euthrix potatoria</i>	21	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis bigramma</i>	439	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis exclamationis</i>	245	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis ipsilon</i>	66	95.4% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis segetum</i>	25	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>	10.136 reads/ 2 OTUs	94.9% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Euxoa</i>	<i>Euxoa fuscigerus</i>	33	??
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Euxoa</i>	<i>Euxoa oncocnemoides</i>	5.826	??
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Lacanobia</i>	<i>Lacanobia oleracea</i>	144	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mesapamea</i>	<i>Mesapamea secalis</i>	45	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna albipuncta</i>	515	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna straminea</i>	165	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>	5.039 reads/ 2 OTUs	97.22% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Papaipema</i>	<i>Papaipema angelica</i>	80 reads/ 2 OTUs	
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Thalpophila</i>	<i>Thalpophila matura</i>	10	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Trachea</i>	<i>Trachea atriplicis</i>	65	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Xestia</i>	<i>Xestia sp.</i>	24	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Xestia</i>	<i>Xestia xanthographa</i>	10.093	97.84% to 100%
Lepidoptera	Notodontidae	<i>Thaumetopoea</i>	<i>Thaumetopoea processio- nea</i>	2.051	100% to 100%
Lepidoptera	Nymphalidae	<i>Napeogenes</i>	<i>Napeogenes sodalis</i>	1.759	??
Lepidoptera	Pyralidae	<i>Homoeosoma</i>	<i>Homoeosoma sinuella</i>	23	100% to 100%
Lepidoptera	Pyralidae	<i>Synaphe</i>	<i>Synaphe punctalis</i>	10	99.4% to 99.4%
Lepidoptera	Sphingidae	<i>Deilephila</i>	<i>Deilephila porcellus</i>	42	100% to 100%
Lepidoptera	Tortricidae	<i>Celypha</i>	<i>Celypha striana</i>	475	100% to 100%
Lepidoptera	Tortricidae	<i>Epiblema</i>	<i>Epiblema foenella</i>	147	100% to 100%
Neuroptera	Chrysopidae	<i>Chrysoperla</i>	<i>Chrysoperla carnea</i>	46	97.84% to 100%
Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis brunnea</i>	21	100% to 100%

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads / OTU	HIT% ID range
Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis decolor</i>	680 reads/ 2 OTUs	??
Trichoptera	Hydropsychidae	<i>Parapsyche</i>	<i>Parapsyche elsis</i>	125	??
Decapoda	Trichopeltariidae	<i>Peltarion</i>	<i>Peltarion spinulosum</i>	11	100% to 100%
Cyprinodontiformes	Nothobranchiidae	<i>Aphyosemion</i>	<i>Aphyosemion volcanum</i>	179 reads/ 4 OTUs	88.8% to 99.7%
Artiodactyla	Cervidae	<i>Cervus</i>	<i>Cervus elaphus</i>	16	98.4% to 98.4%
Carnivora	Felidae	<i>Prionailurus</i>	<i>Prionailurus bengalensis</i>	171	??
Carnivora	Procyonidae	<i>Procyon</i>	<i>Procyon lotor</i>	16	99.4% to 99.4%
Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>	5.032	100% to 100%
Siphonophorae	Agalmatidae	<i>Marrus</i>	<i>Marrus sp.</i>	40	

Die Beutetiertabelle aus Hoheim vom 20. Mai 2018 listet zwei Käferarten, sechs Mücken- und Fliegenarten, eine Wespe, 15 Schmetterlingsarten und eine -gattung sowie eine Libellenart auf.

Beide Käferarten (Gefleckter Pelzkäfer und Gefleckter Flussschwimmer) gehören – wenn überhaupt – sicher nicht zur regelmäßigen Beute von Fledermäusen. Pelzkäfer können an Pelzen und anderen Textilien in Häusern schädlich werden, suchen aber auch pelztragendes Aas auf und leisten so einen wichtigen Beitrag bei der Zersetzung von verwesenden Tierkörpern (Internetquelle 1). Auch in einem Dachboden fällt solches Material an, die DNA-Spur dieser Tiere kann also auch auf andere Weise mit dem Fledermauskot in Berührung gekommen sein.

Wasserkäfer wie der Gefleckte Schnellschwimmer (*Platambus maculatus*) können ihren Lebensraum verlassen und fliegend andere Tümpel und Gewässer besiedeln, daher trifft man solche Beutetiere ab und zu auch in den Kotproben von Fledermäusen an (Wolz 2018).

Die konventionelle Kotanalyse ermittelte für den Sammeltermin am 20. Mai in 30 % der analysierten 20 Pellets meist nur geringe Spuren von Mücken. Diese wurden in zwei Fällen als den Tipuliden ähnlich eingeordnet. Da Tipuliden (Schnaken) und Limoniiden (Stelzmücken) sich im Bruchstückmaterial sehr ähnlich sehen und auch in der Größe überlappen, könnten dies auch Limoniiden gewesen sein, wie die DNA-Bestimmung belegt. Fliegen wurden dagegen in drei Pellets mit zum Teil zahlreichen Fragmenten nachgewiesen, bis zu vier Exemplare wurden in einem Kotkrümel ausgezählt, diese waren jedoch nicht weiter bestimmbar, könnten aber durchaus zu den mit der NGS-Methode ermittelten Muscidae gehören.

Nach dem Ergebnis der konventionellen Kotanalyse waren in der Probe vom 20. Mai nur Schmetterlinge und Zweiflügler nachweisbar, die Schmetterlinge stellten in allen Kotkrümeln die Hauptbeute. Der Kleine Hopfen-Wurzelbohrer (*Korscheltellus lupulina*) wurde bereits mit dieser Methode als Hauptbeutetier festgestellt, dieses Ergebnis wird durch den DNA-Abgleich bestätigt. Die Zahl der reads/OTU erreicht mit 9.382 den höchsten Wert, gefolgt von der Hausmutter (*Noctua pronuba*) mit 8.329 reads/OTU und der Gammaeule (*Autographa gamma*) mit 4.594 reads/OTU.

Die aufgeführte Libelle *Ceriagrion auranticum* ist eine Fehlbestimmung. Sie weist zwar eine HIT% ID range von 100 % auf, ist jedoch eine asiatische Libellenart, die bei uns nicht vorkommt.

Die Beutetierliste vom 08. Juni 2018 aus Hoheim (Tabelle 6) listet ein sehr eingeschränktes Beutespektrum der Grauen Langohren auf. Neben dem eher fraglichen Wasserkäfer (siehe auch Tabelle 5), der fehlerhaft bestimmten asiatischen Libellenart und einem nicht in Europa vorkommenden Schmetterling (*Mythimna yukonensis*), umfasst sie lediglich zwei Mücken (*Tipula lunata* wurde auch bei der konventionellen Analyse als Beutetier erkannt) sowie elf Falterarten bzw. eine Lepidoptereingattung. Auch zu diesem Zeitpunkt wurde der Kleine Hopfen-Wurzelbohrer mit 18.774 reads/OTU als Hauptbeute registriert, gefolgt von der Olivbraunen Zünslereule (*Herminia tarsipennalis*) mit 3.728 reads/OTU und der Bleichen Graseule (*Mythimna pallens*) mit 2.718 reads/OTU.

Bücherläuse (*Liposcelis brunnea*, mit 2.649 reads/OTU registriert) gehören zur Ordnung der Staub- oder Rindenläuse. Ihren Namen verdanken sie der Tatsache, dass man sie im Herbst häufig zwischen Papier finden kann. Diese winzigen Insekten sind ungeflügelt und werden maximal zwei Millimeter groß. Sie benötigen eine Umgebung mit relativ hoher Luftfeuchtigkeit und ernähren sich von Pilzhyphen oder faulenden Materialien (Internetquelle 2). Es ist davon auszugehen, dass sich diese Tiere in größerer Zahl auch auf dem frischen Fledermauskot in den Dachböden aufhalten und deren DNA-Spuren auf diese Weise in die Beutetierliste der Grauen Langohren gelangt sind.

Die konventionelle Kotanalyse ermittelte am 08. Juni 2018 weitere Beutetiere, die durch die DNA-Analyse nicht registriert wurden: Wanzen in 25 % der Pellets, Zikaden in 12,5 % der Pellets und einen Netzflügler in einem Kotkrümel.

Tabelle 7 (12. Juli 2018) zeigt, dass mit dem Beginn des Sommers Arten- und Populationszahlen der Schmetterlinge im Jagdgebiet der Fledermäuse deutlich angestiegen sind. Die Beutetierliste umfasst insgesamt 27 Schmetterlingsarten sowie eine Gattung. Der Maiszünsler *Ostrinia nubilalis*, ein wirtschaftlich bedeutender Maisschädling, wurde gemessen an den reads/OTU (6.706) am häufigsten erbeutet, gefolgt von der Gammaeule (*Autographa gamma*, 6.403 reads/OTU) und der Schmalflügeligen Schilffeule *Chilodes maritima* mit 5.301 reads/ 2 OTUs.

Als weitere Beute wurden registriert: Der Gerippte Brachkäfer (*Amphimallon solstitiale*), der auch bei der Kotanalyse in einem Pellet die Hauptbeute stellte, der Netzflügler *Chrysoperla carnea* (Netzflügler wurden bei der Kotanalyse in 20 % der Pellets nachgewiesen), sowie Ulidiidae (Schmuckfliegen) und Ameisen. Fliegen und Mücken waren in der konventionellen Kotanalyse mit insgesamt 25 % Häufigkeit vertreten, Hautflügler wurden jedoch nicht nachgewiesen. Wanzen (25 % Häufigkeit in der Kotanalyse) und Zikaden (Einzelfund) wurden durch den DNA-Abgleich abermals nicht erfasst, was an der unterschiedlichen Auswahl an Kotkrümeln liegen kann.

Wie die Kotanalysen insgesamt gezeigt haben, gehörten Spinnen definitiv nicht zur Beute der Grauen Langohren aus Aresing und Hoheim. In keinem der insgesamt 465 analysierten Pellets wurden Fragmente dieser Arthropoden nachgewiesen. In den Aufsammlungen vom Boden des Quartiers in Hoheim fanden sich dagegen viele Spinnenreste verschiedener Arten. Diese besiedeln Böden und Winkel des Fledermausquartiers und verunreinigen so möglicherweise den Fledermauskot mit ihren DNA-Spuren. Auch der Regenwurm *Eisenia Eiseni* ist nicht als Beute der Fledermäuse zu werten.

In der Probe vom 23.08.2018 (Tabelle 8) sind insgesamt 22 Lepidoptera-Arten als Beute aufgelistet, was abermals die weitgehende Beschränkung der Grauen Langohren auf diese Beutetierordnung zeigt. Hauptbeutetier war der Ampfer-Wurzelbohrer *Triodia sylvina* mit insgesamt 18.561 reads/OTU (12 verschiedene OTUs wurden erfasst). Auch mit der konventionellen Kotanalyse wurde dieser Falter als Hauptbeute für die Hoheimer Fledermäuse im August 2018 registriert. Als zweithäufigster Falter in der Beuteliste wird *Korscheltellus lupulina* mit mehr als 10.000 reads/OTU gelistet, diese Angabe

ist jedoch fehlerhaft, denn der Kleine Hopfen-Wurzelbohrer ist ein typischer Falter des Frühlings und Frühsommers, er fliegt nicht mehr im August und auch nicht gleichzeitig mit *Triodia sylvina* (R. Bolz, mdl. Mitt.). Zweithäufigster Falter im Beutespektrum ist demnach wieder die Gammaeule mit 1.008 reads/OTU, gefolgt vom Zünsler *Pediasia luteella* mit 622 reads/OTU.

Neben einer Schmuckfliege, der Eichenlederzikade *Iassus lanio* und der Blattwespe *Cladius pectinicornis* (alle in der konventionellen Kotanalyse nicht erfasst), wird auch der Gerippte Brachkäfer oder Junikäfer wieder als Beute genannt. Dieser wurde in der Augustprobe mit der Kotanalyse nicht mehr nachgewiesen (keine Käferfragmente in dieser Probe), die Flugzeit dieses Käfers ist gegen Ende Juli vorbei, evtl. handelt es sich hier um Verunreinigungen der Kotprobe.

Der Netzflügler *Chrysoperla carnea* wurde auch in der Kotanalyse mit 30 % Häufigkeit registriert, die Wanzen waren dort mit 40 % Häufigkeit vertreten und es konnten aus dem Bruchstückmaterial die Arten *Adelphocoris lineolatus* und *Lygus gemellatus/Lygus pratensis* bestimmt werden. Diese Wanzen, wie die Insektenordnung allgemein, wurden durch den DNA-Abgleich nicht erfasst.

Tabelle 9 mit dem Ergebnis der DNA-Untersuchung vom 22. September listet die meisten Schmetterlingsarten auf, die für einen Sammeltermin ermittelt wurden: insgesamt 29 Arten und eine Gattung wurden registriert. Neben einer ganzen Reihe von Schmetterlingen, die bereits bei früheren Terminen nachgewiesen wurden, kamen zwölf neue Arten und eine neue Gattung dazu. Den Hauptanteil in dieser Probe stellte abermals der Ampfer-Wurzelbohrer (*Triodia sylvina*) mit 36.214 reads/OTU, gefolgt von der Gamma-Eule (*Autographa gamma*) mit 10.136 reads/OTU und der Braunen Spätsommer-Bodeneule (*Xestia xanthographa*) mit 10.093 reads/OTU. Auch mit der konventionellen Kotanalyse wurde *Triodia sylvina* als Hauptbeutetier registriert. Wie in der Probe vom 23. August wurde der Kleine Hopfen-Wurzelbohrer *Korscheltellus lupulina* wieder fälschlicherweise als Beutetier nachgewiesen, obwohl dieser Falter im September nicht fliegt. Drei der angegebenen Lepidoptera-Arten, nämlich *Haimbachia arizonensis*, *Papaipema angelica* und *Napeogenes sodalis* (alle drei ohne Angaben für die HIT% ID range) sind keine einheimischen Arten, sondern stammen aus Nord- bzw. Südamerika. Diese wurden fehlerhaft als Beute registriert.

Zweiflügler waren in der Septemberprobe nur von geringer Bedeutung als Nahrung der Grauen Langohren. Die konventionelle Kotanalyse ergab lediglich je 5 % Häufigkeit für Mücken und Fliegen, in einem Pellet konnte die Familie der Mycetophilidae (Pilzmücken) nachgewiesen werden. Auch die DNA-Untersuchung erbrachte nur geringe Werte für diese Insektenordnung: sieben Arten und eine Gattung aus fünf Mückenfamilien erzielten insgesamt nur 353 reads verteilt auf 14 OTUs.

Es zeigte sich bereits in den Ergebnissen der DNA-Untersuchung der Proben aus den Vormonaten, dass die Insektenordnung der Wanzen durch den eingesetzten Primer nur ungenügend erfasst wird. In der Probe vom 22. September werden drei Wanzenarten angegeben: *Lygus rugulipennis* (Fam. Miridae, Weichwanzen) ist in Mitteleuropa weit verbreitet und zählt zu den häufigsten Wanzenarten überhaupt. Diese ist als Beutetier plausibel. Die konventionelle Analyse ermittelte für den 22. September Wanzen (in erster Linie Miridae) in 20 % der Kotpellets. Es ist zu vermuten, dass es sich bei diesen Funden um *Lygus rugulipennis* gehandelt hat.

Tetrapleps latipennis (Fam. Anthocoridae, Blumenwanzen), mit insgesamt 5.153 reads/ 5 OTUs registriert und *Rhacognathus americanus* (Pentatomidae, Baumwanzen), mit insgesamt 1.965 reads/ 10 OTUs nachgewiesen, kommen dagegen als nordamerikanische Arten in Deutschland nicht vor (M. Bräu, mdl. Mitt.). Für diese beiden Arten gibt die DNA-Liste zwar keine HIT% ID range an, nach Auskunft der AIM-GmbH (J. Morinière, mdl. Mitt.) wurden vor dem Versand der Ergebnis-Liste jedoch alle Beutetiere gestrichen, deren HIT% ID range unter 97 % lag. Damit wurden diese beiden Wanzenarten fehlerhaft als Beute der Grauen Langohren bestimmt.

Die Proben aus Aresing

Die Tabellen 10 bis 12 zeigen die bereinigten Beutetierlisten der Kotproben aus Aresing.

Tab. 10: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 10. Juni 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Coleoptera	Elateridae	<i>Dalopius</i>	<i>Dalopius marginatus</i>	293	100% to 100%
Diptera	Tipulidae	<i>Tipula</i>	<i>Tipula nubeculosa</i>	39	100% to 100%
Diptera	Tipulidae	<i>Tipula</i>	<i>Tipula submarmorata</i>	42	100% to 100%
Hemiptera	Aphididae	<i>Eucallipterus</i>	<i>Eucallipterus tiliae</i>	13	100% to 100%
Hymenoptera	Vespidae	<i>Vespula</i>	<i>Vespula vulgaris</i>	28	99.5% to 99.5%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Crambus</i>	<i>Crambus lathoniellus</i>	236	100% to 100%
Lepidoptera	Geometridae	<i>Cepphis</i>	<i>Cepphis advenaria</i>	523	100% to 100%
Lepidoptera	Geometridae	<i>Eupithecia</i>	<i>Eupithecia tantillaria</i>	872 reads/ 2 OTUs	99.53% to 100%
Lepidoptera	Geometridae	<i>Scopula</i>	<i>Scopula floslactata</i>	209	100% to 100%
Lepidoptera	Geometridae	<i>Timandra</i>	<i>Timandra comae</i>	28	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Abrostola</i>	<i>Abrostola triplasia</i>	51	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis exclamationis</i>	13	98.45% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>	21.560	95.4% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Hoplodrina</i>	<i>Hoplodrina ambigua</i>	1.897	99.1% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Oligia</i>	<i>Oligia strigilis</i>	2.419	97.7% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Protolampra</i>	<i>Protolampra sobrina</i>	50	100% to 100%
Lepidoptera	Oecophoridae	<i>Denisia</i>	<i>Denisia stipella</i>	24	100% to 100%
Odonata	Coenagrionidae	<i>Ceriagrion</i>	<i>Ceriagrion auranticum</i>	17	100% to 100%
Orthoptera	Acrididae	<i>Chorthippus</i>	<i>Chorthippus brunneus</i>	20	100% to 100%
Orthoptera	Acrididae	<i>Chorthippus</i>	<i>Chorthippus dorsatus</i>	37	99.53% to 99.53%

Tab. 11: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 23. Juli 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Coleoptera	Scarabaeidae	<i>Amphimallon</i>	<i>Amphimallon solstitiale</i>	3.242 reads/ 5 OTUs	92.2% to 100%
Diptera	Syrphidae	<i>Didea</i>	<i>Didea intermedia</i>	12	99.53% to 99.53%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Agriphila</i>	<i>Agriphila straminella</i>	27	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Acronicta</i>	<i>Acronicta rumicis</i>	35	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis ipsilon</i>	394	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	Agrotis	Agrotis segetum	4.636	95.9% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	Autographa	Autographa gamma	22.665 reads/ 2 OTUs	95.4% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Diachrysia</i>	<i>Diachrysia chrysitis</i>	1.185	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Lacanobia</i>	<i>Lacanobia oleracea</i>	14	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Oligia</i>	<i>Oligia latruncula</i>	44	100% to 100%
Lepidoptera	Notodontidae	<i>Thaumetopoea</i>	<i>Thaumetopoea processionea</i>	1.574 reads/ 3 OTUs	97.2% to 100%
Lepidoptera	Pyralidae	<i>Aphomia</i>	<i>Aphomia sociella</i>	3.805	88.9% to 100%
Lepidoptera	Pyralidae	<i>Endotricha</i>	<i>Endotricha flammealis</i>	386	100% to 100%
Neuroptera	Chrysopidae	Chrysoperla	Chrysoperla carnea	7.252	100% to 100%

Tab. 12: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Aresing, 24. August 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München). Die drei häufigsten Beutetierarten sind hervorgehoben.

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Hymenoptera	Tenthredinidae	<i>Cladius</i>	<i>Cladius pectinicornis</i>	56	93.9% to 100%
Lepidoptera	Crambidae	<i>Chrysoteuchia</i>	<i>Chrysoteuchia culmella</i>	11	100% to 100%
Lepidoptera	Hepialidae	Triodia	Triodia sylvina	9.583 reads/ 8 OTUs	96.5% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	Agrotis	Agrotis exclamationis	683	98.48% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Agrotis</i>	<i>Agrotis ipsilon</i>	91	97.71% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	Agrotis	Agrotis segetum	156	95.5% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>	44	100% to 100%

order_name	family_name	genus_name	species_name	reads/OTU	HIT% ID range
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Hydraecia</i>	<i>Hydraecia micacea</i>	64	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Mythimna</i>	<i>Mythimna albipuncta</i>	25	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>	58	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Ochropleura</i>	<i>Ochropleura plecta</i>	70	100% to 100%
Lepidoptera	Noctuidae	<i>Xestia</i>	<i>Xestia sp.</i>	82	100% to 100%
Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis corrodens</i>	14	100% to 100%

Tabelle 10 aus dem Juni 2018 zeigt, dass sich auch die Grauen Langohren aus Aresing vorwiegend auf die Beute Schmetterling beschränkten. Für die Probe vom 10. Juni wurden zwölf Arten aufgelistet und *Autographa gamma*, die Gammaeule, mit einem Wert der reads/OTU von 21.560 als häufigste Art registriert. An zweiter Stelle folgt *Oligia strigilis* (Striegel-Halmeulchen) mit 2.419 reads/OTU, an dritter Stelle wird *Holopodrina ambigua* (Hellbraune Staubeule) mit 1.897 reads/OTU genannt.

Die konventionelle Kotanalyse ergab Mücken der Familie Tipulidae in drei Pellets, in zweien davon stellten sie auch die Hauptbeute. Anhand der Hypopygbruchstücke der Männchen konnte die Art *Tipula nubeculosa* ermittelt werden, Cerci-Spitzen der Weibchen stammten ebenfalls von *Tipula nubeculosa* oder von *Tipula scripta*. Die genetisch bestimmte Art *Tipula submarmorata* wurde mit dieser Methode nicht erkannt. Fliegen stellten in einem Pellet die Hauptbeute und waren in 25 % der Kotkrümel nachweisbar, diese wurden durch die DNA-Analyse nicht erfasst.

Als Hautflügler wurden in der DNA-Auswertung Wespen detektiert, diese waren zahlreich in der Aufsammlung vom Boden enthalten, jedoch nicht mit der Kotanalyse nachgewiesen worden. Die Hautflüglerreste in der Probe vom 10. Juni beschränkten sich auf ein Tarsenkrallenpaar eines Männchens der Ophioninae (Schlupfwespen) sowie wenige Bruchstücke einer Ameise.

Käferreste fanden sich bei der Kotanalyse lediglich in einem Kotkrümel, diese gehörten zum Gerippten Brachkäfer *Amphimallon solstitiale*, ein Schnellkäfer, wie z. B. *Dalopius marginatus* aus der DNA-Liste der Tabelle 10 oder unbekannte Käferbruchstücke wurden nicht gefunden.

Die Lindenblattlaus *Eucallipterus tiliae* ist ein winziges Insekt (KRL 1,8 bis 3 mm), deutlich kleiner als die üblichen Beutetiere der Langohren. Wie die Telemetrieversuche gezeigt haben (Nachtaktiv 2020), besuchten die Grauen Langohren auf ihren Jagdflügen regelmäßig blühende Linden im Dorfbereich. Dass sie beim Beutefang im Kronenbereich Blattläuse mit aufnahmen, ist daher sehr wahrscheinlich.

Die DNA-Liste für den 10. Juni weist weiterhin zwei Feldheuschreckenarten als Beutetiere der Grauen Langohren aus. Feldheuschrecken stehen als tagaktive Tiere, die sich vorwiegend im Bereich der Grashalme aufhalten, im Luftraum jagenden Fledermäusen als Beute nicht zur Verfügung. Man findet sie lediglich in den Beutespektren des Großen Mausohrs (*Myotis myotis*), des Kleinen Mausohrs (*Myotis blythi*) oder der Breitflügelfledermaus (*Eptesicus serotinus*) (Arlettaz et al. 1993, Arlettaz et al. 1997, Pereira et al. 2002, Güttinger et al. 2006, Zukal & Gajdosik 2012). Von diesen Fledermausarten ist bekannt, dass sie zur Jagd auch auf dem Boden landen und auf diese Weise an Feldheuschrecken als Beute gelangen können. Vergleichbare Beobachtungen beim Grauen Langohr fehlen bislang.

Bei drei Arten handelt es sich offensichtlich um Fehlbestimmungen: Bei der südostasiatischen Libelle *Ceragrion auranticum* und bei den beiden tagaktiven Feldheuschrecken *Chorthippus brunneus* und *Chorthippus dorsatus*.

Tabelle 11 aus dem Juli 2018 zeigt ebenfalls ein weitgehend auf Schmetterlinge beschränktes Beutespektrum. Wieder bildete *Autographa gamma* mit insgesamt 22.665 reads/OTU (zwei OTUs) die Hauptbeute, diesmal gefolgt von *Agrotis segetum* (Saateule) mit 4.636 reads/OTU und von *Aphomia sociella* (Hummel-Wachsmotte) mit 3.805 reads/OTU als dritthäufigster Falter.

Wie in Hoheim standen auch den Fledermäusen in Aresing im Juli viele Gerippte Brachkäfer als Beute zur Verfügung. Die Kotanalyse erfasste diese Käferart in 21 % der Pellets (einmal stellten sie die Hauptbeute), die DNA-Analyse ermittelte insgesamt 3.242 reads/OTU (fünf OTUs).

Zweiflügler wurden in der Kotanalyse nur in zwei Krümeln mit wenigen Bruchstücken erfasst, die DNA-Analyse ermittelte die Syrphide *Didea intermedia* mit ebenfalls nur geringer Zahl (12 reads/OTU). Neuropteren (*Chrysoperla carnea*) wurden am 23. Juli 2018 als häufige Beute registriert. Mit 7.252 reads/OTU stellten sie in dieser Probe die zweithäufigste Beute überhaupt. Bei den konventionellen Kotanalysen fanden sich Fragmente von Netzflüglern dagegen lediglich in einem Kotkrümel.

Tabelle 12 weist für den August 2018 neben den Schmetterlingen nur ein weiteres Beutetier aus, die Blattwespe *Cladius pectinicornis* (siehe Tabelle 8, Hoheim). Bei der Kotanalyse wurden dagegen keine Hautflügler erfasst.

Wie in Hoheim stellte der Ampfer-Wurzelbohrer (*Triodia sylvina*) auch in Aresing im August mit großem Abstand vor allen anderen Faltern die Hauptbeute. 9.583 reads/OTU (acht OTUs) wurden von dieser Schmetterlingsart detektiert, zweitwichtigster Falter war *Agrotis exclamationis* (Ausrufungszeichen) mit 683 reads/OTU, an dritter Stelle folgte *Agrotis segetum* (Saateule) mit 156 reads/OTU. Die Gattung *Agrotis* wurde an einem Genitalbruchstück auch bei der konventionellen Kotanalyse erkannt.

Die weiterhin gelistete Bücherlaus *Liposcelis corrodens* wird nicht als Beutetier eingeordnet (siehe Bemerkungen zu Tabelle 6, Kap. 3.2).

Die Kotanalyse ermittelte zusätzlich zu den Schmetterlingen wenige Neuropteren, Wanzen, Rindensäuse, Käfer und Zweiflügler als Fledermausbeute. Diese wurden in der DNA-Analyse jedoch nicht erfasst.

Versuche mit anderen Primern

Um zu untersuchen, inwieweit sich die Beutetierlisten der Proben unterscheiden, wenn bei der DNA-Analyse verschiedene Primer eingesetzt werden, wurden folgende Proben aus Hoheim mit weiteren Primern getestet: Die Proben vom 08. Juni 2018 und 12. Juli 2018 mit dem Primer 12 S, um die Wanzen besser zu detektieren sowie die Probe vom 23. August 2018 mit dem Primer COII, um eventuell den Falter *Endromis versicolora* nachzuweisen, der durch seine charakteristischen Schuppen bei der konventionellen Kotanalyse auffiel. Die Probe vom 22. September wurde mit den Primern 12 S, 16 S, CO HEX I, COII und CytB bearbeitet, um prinzipiell die Unterschiede der durch die verschiedenen Primer entstehenden Beutetierlisten darzustellen. Nur der zuerst eingesetzte Primer COI greift auf die sehr umfangreiche und gut gepflegte BOLD-Datenbank zu. Die anderen Primer nutzen Datenbanken, in die jeder seine Daten einbringen kann, entsprechend ist hier auch mit Fehlern zu rechnen, die durch ungenügende Absicherung der eingespeisten Tierarten entstehen.

Die Tabellen 13 und 14 zeigen das Ergebnis der DNA-Analysen vom 08. Juni und 12. Juli 2018, durchgeführt mit dem Primer 12 S.

Tab. 13: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 08. Juni 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München), eingesetzter Primer: 12 S.

HIT% ID range	reads/OTU	order_name	family_name	genus_name	species_name
100.0%	9	Diptera	Ulidiidae	<i>Physiphora</i>	<i>Physiphora sp.</i>
97.2%	12	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Athetis</i>	<i>Athetis lepigone</i>
97.2%	120	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Ctenoplusia</i>	<i>Ctenoplusia agnata</i>
98.5%	69	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>
99.2%	25	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>
100.0%	4.908	Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis brunnea</i>
100.0%	28.085	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>

Tab. 14: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 12. Juli 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München), eingesetzter Primer: 12 S.

HIT% ID range	reads/OTU	order_name	family_name	genus_name	species_name
100.0%	45	Trombidiformes	Trombiculidae	<i>Leptotrombidium</i>	<i>Leptotrombidium sp.</i>
100.0%	9.884	Diptera	Ulidiidae	<i>Physiphora</i>	<i>Physiphora sp.</i>
99.2%	1	Hemiptera	Miridae	<i>Lygus</i>	<i>Lygus pratensis</i>
97.2%	80	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Ctenoplusia</i>	<i>Ctenoplusia agnata</i>
98.5%	3	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>
99.2%	3	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>
100.0%	11	Psocodea	Liposcelididae	<i>Liposcelis</i>	<i>Liposcelis brunnea</i>
100.0%	10.308	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>

Beide Tabellen zeigen, dass die eingesetzten Primer das Beutespektrum der Fledermäuse nur sehr ungenügend erfassten. Für den 08. Juni ergaben sich lediglich eine Mückenart (bereits in anderen Proben als Beute registriert) sowie drei Noctuiden. *Noctua pronuba* ist als häufige Beute der Grauen Langohren bekannt, die beiden anderen genannten Arten kommen im Jagdgebiet der Fledermäuse sicher nicht vor. *Athetis lepigone*, die Östliche Steppeneule, wurde in Brandenburg und Österreich nachgewiesen, besiedelt in der Regel aber noch weiter östlich liegende Gebiete. *Ctenoplusia agnata* ist ein Falter aus Ostasien. Beide Schmetterlinge wurden dennoch mit einer HIT% ID range von mehr als 97% registriert, diese Bestimmung ist wahrscheinlich fehlerhaft. Ein ähnliches Bild zeigt das Ergebnis des Tests mit Primer 12 S der Probe vom 12. Juli (Tabelle 14): Auch hier wurde *Ctenoplusia agnata* aus Ostasien nachgewiesen, neben *Noctua pronuba* und *Physiphora* wurde erstmals die

Wanze *Lygus pratensis* detektiert, die bereits aus der konventionellen Kotanalyse bekannt war, allerdings mit lediglich 1 read/OTU. Vergleicht man die Ergebnisse dieses Sequenzierdurchlaufs mit den Ergebnissen des Primers COI (siehe Tabelle 6 und 7), der für den 08. Juni 14 und für den 12. Juli mehr als 30 plausible Beutetierarten registrierte, so zeigt sich, dass Primer 12 S nicht für die Detektion von Arthropodenbeutelisten geeignet ist. Die Wanze *Lygus pratensis* wurde zwar in einem Fall detektiert, jedoch in ihrer Bedeutung für das Beutespektrum der Grauen Langohren weit unterschätzt.

Noch ungenügender fiel das Ergebnis des Primers COII für den 23. August/Hoheim aus (ohne Tabellendarstellung). Neben zahlreichen Nachweisen für Bakterien und Pilze wurde nur ein Insekt detektiert, und zwar die Fliege *Lucilia cuprina* aus der Familie der Schmeißfliegen (Calliphoridae). Das genetische Material dieser Kot und Aas besuchenden Fliegen kann beim Krabbeln der adulten Insekten über die Kotkrümel der Fledermäuse auf die Probe gelangt sein. Die Larven dieser Fliegen leben in Kot oder als Aasfresser, teilweise auch als Parasiten (KOTRBA 2014). *Lucilia cuprina* ist daher nicht zwangsläufig als Beutetier der Grauen Langohren zu werten.

Der mit diesem Test ursprünglich gesuchte Nachweis für den Birkenspinner *Endromis versicolora* gelang nicht, der Primer COII konnte keinen einzigen Schmetterling detektieren.

Aus der Kotprobe vom 22. September aus Hoheim wurden mit dem Primer COI (siehe Tabelle 9) fast 30 verschiedene Schmetterlinge, dazu Hautflügler, Zweiflügler, Zikaden und Netzflügler detektiert. Die Tests mit den anderen eingesetzten Primern ergaben dagegen kaum brauchbare Erkenntnisse, das detektierte Beutespektrum war in allen Fällen sehr eingeschränkt.

Primer 12 S registrierte nach Streichung aller Beutetaxa mit Werten unter 97 % für die HIT% ID range neben der Wanze *Lygus pratensis* (nur zwei reads/OTU) nur den falsch bestimmten ostasiatischen Falter *Ctenophora agnata* sowie *Noctua pronuba*, der Primer CO HEX I detektierte lediglich die Trauermücke *Bradysia urticae*, der Primer COII neben zahlreichen Nachweisen für Pilze und Bakterien keine Insekten.

Die Tests mit den Primern 16 S und CytB ergaben folgende Beutetierlisten, die in den Tabellen 15 und 16 zusammengefasst sind.

Tab. 15: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 22. September 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München), eingesetzter Primer: 16 S.

HIT% ID range	reads/OTU	order_name	family_name	genus_name	species_name
100.0%	6	Coleoptera	Dermostidae	<i>Anthrenus</i>	<i>Anthrenus verbasci</i>
99.7%	39	Diptera	Tachinidae	<i>Blondelia</i>	<i>Blondelia nigripes</i>
99.7%	6	Hemiptera	Diaspididae	<i>Morganella</i>	<i>Morganella morganii</i>
98.1%	8	Hemiptera	Diaspididae	<i>Morganella</i>	<i>Morganella morganii</i>
99.1%	3	Hemiptera	Miridae	<i>Adelphocoris</i>	<i>Adelphocoris fasciaticollis</i>
99.1%	40	Hemiptera	Miridae	<i>Lygus</i>	<i>Lygus pratensis</i>
99.7%	7	Hemiptera	Miridae	<i>Lygus</i>	<i>Lygus pratensis</i>
97.4%	1.344	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>
99.7%	342	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>

HIT% ID range	reads/OTU	order_name	family_name	genus_name	species_name
99,70%	688	Lepidoptera	Notodontidae	<i>Thaumetopoea</i>	<i>Thaumetopoea processionea</i>
100.0%	13	Neuroptera	Chrysopidae	<i>Chrysoperla</i>	<i>Chrysoperla carnea</i>
100.0%	175	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>
100.0%	105.049	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>

Tab. 16: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 22. September 2018, ermittelt durch DNA-Analysen mit der NGS (Next Generation Sequencing) Methode (AIM-GmbH München), eingesetzter Primer: CytB.

HIT% ID range	reads/OTU	order_name	family_name	genus_name	species_name
99,70%	11	Coleoptera	Dermestidae	<i>Anthrenus</i>	<i>Anthrenus verbasci</i>
99,50%	2	Diptera	Calliphoridae	<i>Pollenia</i>	<i>Pollenia rudis</i>
98,10%	92	Hemiptera	Diaspididae	<i>Morganella</i>	<i>Morganella morganii</i>
97,10%	94	Hemiptera	Diaspididae	<i>Morganella</i>	<i>Morganella morganii</i>
97,40%	39	Hemiptera	Diaspididae	<i>Morganella</i>	<i>Morganella morganii</i>
97,70%	31	Hemiptera	Diaspididae	<i>Morganella</i>	<i>Morganella morganii</i>
99,70%	45	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Autographa</i>	<i>Autographa gamma</i>
99,70%	286	Lepidoptera	Noctuidae	<i>Noctua</i>	<i>Noctua pronuba</i>
100,00%	24	Lepidoptera	Notodontidae	<i>Thaumetopoea</i>	<i>Thaumetopoea processionea</i>
97,90%	2	Artiodactyla	Bovidae	<i>Bos</i>	<i>Bos mutus</i>
100,00%	3	Cetacea	Phocoenidae	<i>Neophocaena</i>	<i>PREDICTED: Neophocaena asiaorientalis</i>
100,00%	4	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Myotis</i>	<i>Myotis lucifugus</i>
100,00%	55.690	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>
97,90%	3	Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Plecotus</i>	<i>Plecotus austriacus</i>

Aus Tabelle 15 wird deutlich, dass der Primer 16 S nur wenige plausible Beutetiere der Grauen Langohren detektieren konnte. Neben den bereits mit dem Primer COI erfassten Faltern *Noctua pronuba* und *Thaumetopoea processionea*, der Fliege *Blondella nigripes* und dem Netzflügler *Chrysoperla carnea* wurden die beiden Wanzen *Lygus pratensis* und *Adelphocoris fasciolatus* nachgewiesen. Die Larven des Speckkäfers *Anthrenus verbasci*, ein weit verbreiteter Schädling auch in Insektensammlungen, ernähren sich von Keratin und Chitin und leben vermutlich auch auf dem Kot der Fledermäuse (Internetquelle 3). Ob er als Beutetier der Fledermäuse bezeichnet werden kann, ob es also denkbar ist, dass die Grauen Langohren im Dachboden fliegende Exemplare dieser Käfer erbeuten, ist fraglich. Die Zuordnung von *Morganella morganii* zu den Wanzen ist einem Fehler des Taxonomie-Algorithmus geschuldet. Beim Sequenzabgleich zeigte es sich, dass es sich bei dieser Detektion ausschließlich um das Bakterium *Morganella* handelte (J. Morinière, mdl. Mitt.).

Tabelle 16 zeigt, dass auch beim Einsatz des Primers CytB der Fehler mit dem Bakterium *Morganella* auftrat. Neben der Detektion des Speckkäfers *Anthrenus verbasci* (siehe oben), den Faltern *Noctua pronuba*, *Thaumetopoea processionea* und *Autographa gamma* ist nur noch der Nachweis der Fliege *Pollenia rudis* glaubhaft, hiermit wird die Artzuweisung aus der konventionellen Kotanalyse bestätigt. Die durch den Primer CytB erzielte Beutetierliste weist zwei besonders auffallende Fehlbestimmungen auf, die beide mit einer HIT% ID range größer 97 % registriert wurden. Dabei handelt es sich um *Bos mutus*, den Yak, sowie um den Östlichen Glattschweinswal *Neophocaena asiaorientalis*.

3.3 Durch konventionelle Kotanalysen ermittelte Beutespektren des Jahres 2019 im Quartier Hoheim

Die Analysen der Kotproben während der Aktivitätsperiode der Fledermäuse von März bis November 2019 ergaben wie im Vorjahr, dass Schmetterlinge weitgehend die Hauptbeute dieser Fledermausart bilden. 14 der 16 ermittelten Beutespektren in diesem Zeitraum wurden von dieser Insektenordnung dominiert. In 82 % der analysierten 295 Kotpellets stellten Schmetterlinge die Hauptbeute, 42,7 % der Kotkrümel enthielten ausschließlich Schmetterlingsreste. Lediglich die im Mai gesammelten Proben zeigten ein anderes Bild: am 08. Mai stellten die Käfer in 16 von 20 untersuchten Pellets die Hauptbeute. Lepidoptera waren zu diesem Zeitpunkt nur in 55 % der Pellets nachweisbar und stellten nur zweimal die Hauptbeute. In der Probe vom 23. Mai waren Schmetterlinge und Käfer gleich häufig vertreten mit je 65 % Häufigkeit und jeweils Hauptbeute in zehn Kotkrümeln. Zu allen anderen Sammelterminen waren die Käfer meist nur von geringer Bedeutung oder fehlten ganz (08. April, 06. August, 05. September, 20. September und 05. Oktober 2019). Abbildung 16 zeigt das Beutespektrum vom 08. Mai 2019.

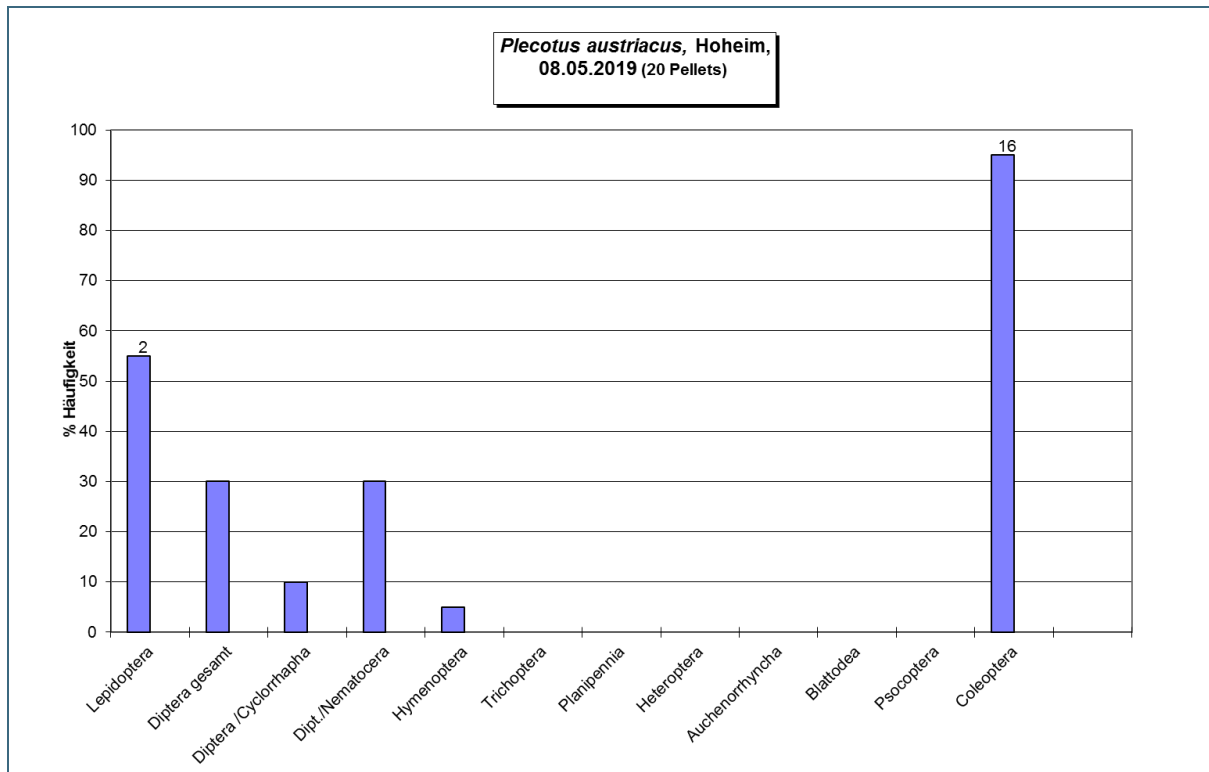


Abb. 16: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 08. Mai 2019. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

Bei den im Mai nachgewiesenen Käfern handelte es sich ausschließlich um Vertreter der Scarabaeidae, vermutlich um Brachkäfer der Art *Rhizotrogus aestivus* (Gelbbrauner Brachkäfer). Diese sind durch hell gelbbraune Fragmente der Panzerung, gelbbraune Lamellen-Bruchstücke der Antennen, in typischer Weise geformte Tarsen- und Beinbruchstücke sowie Tarsenkrallen mit einem kleinen Nebenzahn an der Krallenbasis gekennzeichnet. In den Proben vom 22. April und dem 08. Mai fanden sich auch Fragmente von Maikäfern, die mit einer Kopf-Rumpf-Länge von etwa zwei Zentimetern zu den größten Beutetieren der Grauen Langohren aus Hoheim gehörten. In der Probe vom 23. Juni waren die Käfer zum letzten Mal im Jahr 2019 relativ häufig vertreten, sie waren in 73 % der Pellets nachweisbar und stellten in zwei Pellets die Hauptbeute. In mehreren Kotkrümeln konnte anhand der auffallend großen, massiven Dornen an den Sterniten des Abdomens Käfer der Gattung *Amphimallon* identifiziert werden, aufgrund seiner Häufigkeit ist wohl damit zu rechnen, dass es sich bei dem Beutetier um *Amphimallon solstitiale*, den Gerippten Brachkäfer, gehandelt hat.

Bereits im Vorjahr wurde eine Reihe von Schmetterlingsarten anhand der Genitalbruchstücke der Männchen oder anderen Merkmalen als Beute der Grauen Langohren bestimmt. Diese Arten waren auch im Jahr 2019 teils sehr zahlreich vertreten. Die Höchstwerte betrug z. B. bei *Autographa gamma* (Gamma-Eule, Fam. Noctuidae) in der Probe vom 06. August zehn nachgewiesene Exemplare in sieben Pellets, bei *Korscheltellus lupulina* (Kleiner Hopfen-Wurzelbohrer, Fam. Hepialidae) in der Probe vom 23. Mai 15 nachgewiesene Exemplare in acht Pellets oder bei *Triodia sylvina* (Ampfer-Wurzelbohrer, Fam. Hepialidae) in der Probe vom 05. September zehn nachgewiesene Exemplare in neun Pellets.

Im Jahr 2019 gelang die Zuordnung von Genitalfragmenten aus den Kotproben zu weiteren Falterarten:

Orthosia cerasi (Rundflügel-Kätzcheneule, Fam. Noctuidae), gefunden in einem Pellet der Probe vom 08. April sowie in vier Pellets der Probe vom 22. April

Orthosia gothica (Gothica-Kätzcheneule, Fam. Noctuidae), gefunden in zwei Pellets der Probe vom 08. April und in einem Pellet der Probe vom 22. April

Orthosia gracilis (Spitzflügel-Kätzcheneule, Fam. Noctuidae), Einzelfund in der Probe vom 08. April

Pelochrista caecimaculana (Fam. Tortricidae), Einzelfund in der Probe vom 23. Juli

Chrysoteuchia culmella (Fam. Crambidae), gefunden in sechs Pellets der Probe vom 23. Juni und vereinzelt in den Proben vom 08. Juli bis zum 20. Oktober

Pediasia fascelinella (Silbergras-Zünsler, Fam. Crambidae), ein Fund am 06. August, zwei Funde am 21. August, drei Funde am 23. Juli, vier Funde am 05. September, ein Fund am 20. Oktober

Anania stachydalis (Waldziestzünsler, Fam. Crambidae), je ein Fund in den Proben vom 06. August und 05. September

Thisanotia chrysonuchella (Fam. Crambidae), zwei Funde am 07. Juni, je ein Fund am 23. Juni und am 08. Juli.

Nematopogon swammerdamella (Gelber Langfühler, Fam. Adelidae), ein Fund am 23. Mai

Synaphe punctalis (Fam. Pyralidae), je ein Fund in den Proben vom 23. Juli, 06. August, 21. August, 20. Oktober, zwei Funde in der Probe vom 05. September

Die Abbildungen 17 und 18 zeigen die typischen Fragmente von *Orthosia gothica* und *Pediasia fascelinella*.



Abb. 17: Fragment aus dem männlichen Genital von *Orthosia gothica* (Gothica-Kätzcheneule), Hoheim, 08. April 2019



Abb. 18: Fragment aus dem männlichen Genital von *Pediasia fascelinella* (Silbergraszünsler), Hoheim, 22. Juni 2019

Neben den Schmetterlingen und den Käfern wurden vier weitere Beutetierordnungen registriert, die in einzelnen Kotkrümeln die Hauptbeute stellten. Mit nur einer Ausnahme (Hautflügler: Hauptbeute in einem Pellet am 07. Juni, Nachweis der Gattungen *Ophion* und *Netelia*) fanden sich die von anderen Beutetiergruppen dominierten Pellets erst in den Proben ab Mitte September: Dies waren als dritt wichtigste Beutetierordnung die Zweiflügler mit der Familie der Tipulidae (ein Pellet am 20. September, Nachweis von *Tipula paludosa*) sowie die Fliegen (zweimal Hauptbeute am 20. September, in neun

Pellets Hauptbeute am 20. Oktober, Nachweis der Fam. Polleniidae). Weiterhin wurden im Herbst als Hauptbeute registriert: Trichoptera (Köcherfliegen) (ein Pellet am 20. September, einziger Nachweis dieser Beutetierordnung in beiden Untersuchungsjahren) und Blattläuse (ein Pellet am 20. Oktober, einziger Nachweis dieser Beutetierordnung in beiden Untersuchungsjahren).

Abbildung 19 zeigt das Beutespektrum vom 20. September 2019, in dem die vier Beutetiergruppen Schmetterlinge, Fliegen, Mücken und Köcherfliegen in einzelnen Kotpellets die Hauptbeute stellten. Mit Hauptbeute in 16 der 20 analysierten Kotkrümel dominierten die Schmetterlinge diese Probe.

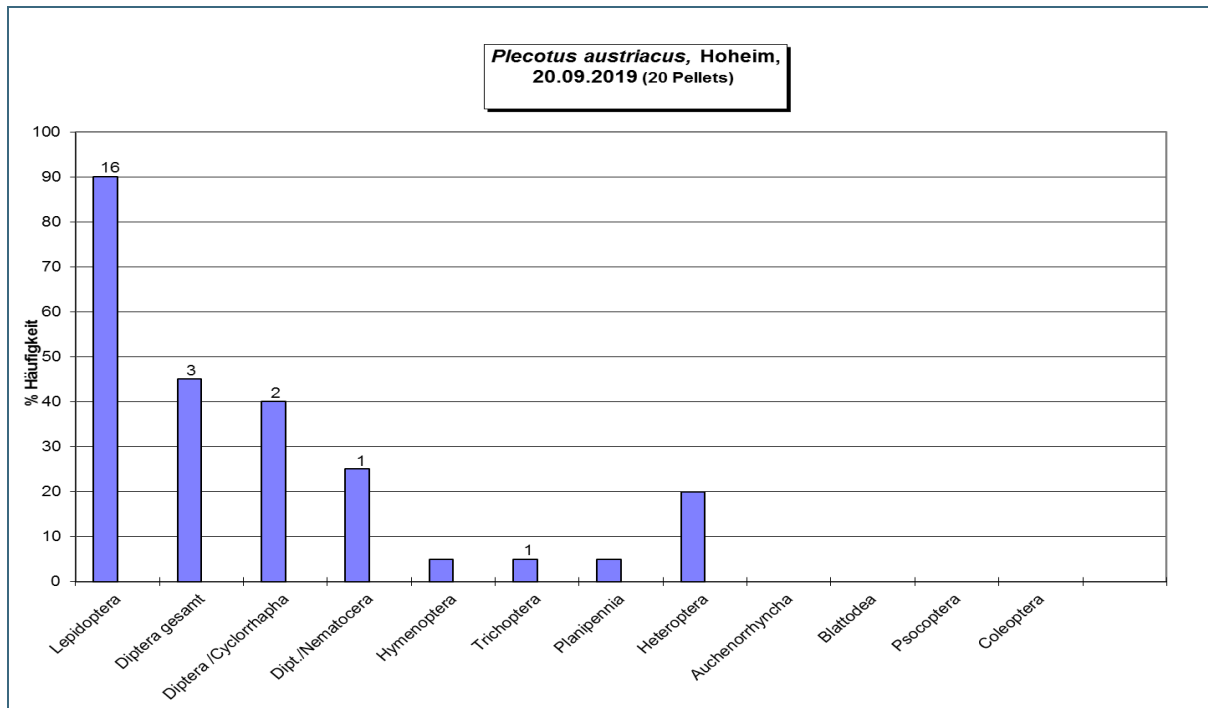


Abb. 19: Beutespektrum von *Plecotus austriacus* aus Hoheim, 20. September 2019. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Probe die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

Weitere in den Kotproben der Grauen Langohren aus Hoheim gefundene Beutetiergruppen waren die Wanzen (höchster Nachweiswert 55 % Häufigkeit am 23. Juli), die Zikaden (Einzelfund am 05. Oktober), die Netzflügler (ausschließlich Fam. Chrysopidae, höchster Nachweiswert 25 % Häufigkeit am 06. August) und die Spinnen (Einzelfunde in den Proben vom 07. Juni und 08. Juli, kein Nachweis im Jahr 2018).

Abbildung 20 zeigt die 16 Beutespektren des Jahres 2019 aus Hoheim im Überblick. Die Dominanz der Schmetterlinge zu fast allen Sammelterminen ist deutlich zu erkennen. Lediglich im Frühjahr und Sommer wird eine Bevorzugung von Käfern sichtbar. Sobald im Verlauf des Jahres die Zahl der zur Verfügung stehenden Insektengruppen im Jagdgebiet zunimmt, erweitert sich auch das Beutespektrum der Fledermäuse.

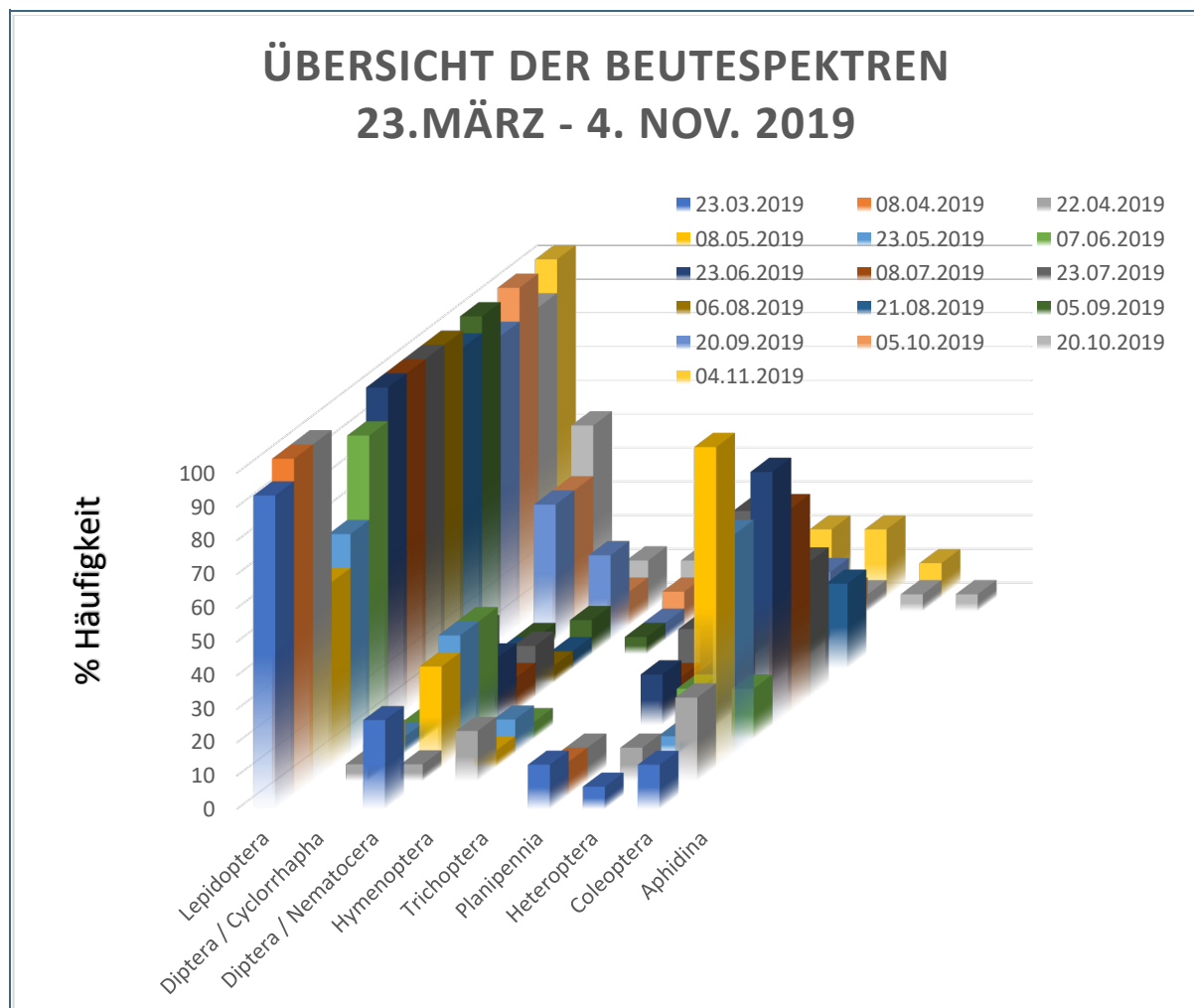


Abb. 20: Überblick über die Säulendiagramme aller 16 Kotproben, gesammelt in Hoheim zwischen dem 23. März und dem 04. November 2019. Deutlich zu erkennen ist die Abnahme der Schmetterlinge in den Kotproben vom 08. Mai und 23. Mai mit gleichzeitig deutlichem Anstieg der Käferanteile.

3.4 Durch DNA-Analyse ermittelte Beutespektren des Jahres 2019 im Quartier Hoheim

Die DNA-Analysen des Jahres 2019 beschränkten sich auf drei Proben und sollten der Beantwortung spezieller Fragestellungen dienen.

Die Kotprobe vom 08. Mai 2015 (Ansammlungszeit ab 23. April) zeigte bei der konventionellen Analyse Käfer als eindeutige Hauptbeute in 16 der 20 untersuchten Pellets. Neben wenigen Maikäferresten waren dies ausschließlich Fragmente von Brachkäfern der Gattung *Rhizotrogus*, vermutlich von *Rhizotrogus aestivus*. Diese Käferart ist jedoch durch Kotanalyse allein nicht sicher bestimmbar, daher sollte die DNA-Untersuchung diese Bestimmung absichern.

Mit 4.058 reads/OTU wies auch die DNA-Analyse den Käfer *Rhizotrogus aestivus* als Hauptbeute aus. Hier ist jedoch zu bedenken, dass weitere *Rhizotrogus*-Arten in der Datenbank noch nicht erfasst sind (J. Morinière, mdl. Mitt.), die Bestimmung als Beutetier der Grauen Langohren ist daher mit Vorbehalt zu sehen.

Ebenso wurde der Falter *Korscheltellus lupulinus* (Kleiner Ampfer-Wurzelbohrer), bei der konventionellen Analyse in vier Pellets nachgewiesen, davon in zwei Pellets als Hauptbeute registriert, mit 313 reads/OTU als häufiges Beutetier erfasst. Die Bestimmung von *Endromis versicolora* aus der konventionellen Analyse wurde durch den DNA-Abgleich nicht bestätigt, auch die Zugehörigkeit der in sechs Pellets registrierten Tipulidae zu verschiedenen Arten konnte durch das Barcoding nicht aufgeklärt werden.

Insgesamt ergab die DNA-Analyse für diesen Sammeltermin neun Beutetierarten, die mit mehr als 10 reads/OTU registriert wurden. Diese sind in der Beutetiertabelle im Anhang mit Bc 2019 gekennzeichnet.

Die Kotprobe vom 20. September 2019 (Ansammelungszeit ab 06. September 2019) war erwartungsgemäß von der Hauptbeute Lepidoptera geprägt, mit der konventionellen Kotanalyse konnten die Arten *Triodia sylvina*, *Noctua pronuba* und *Noctua comes* bestimmt werden, Schmetterlinge stellten in 16 der 20 analysierten Pellets die Hauptbeute. Auch die DNA-Analyse ergab Lepidoptera als Hauptbeute dieser Probe, *Triodia sylvina* (Ampfer-Wurzelbohrer) wurde mit 36.290 reads/OTU als häufigster Falter nachgewiesen. Weiterhin wurden als häufige Beute registriert: *Autographa gamma* (Gamma-Eule) mit 19554 reads/OTU, *Xestia xanthographa* (Braune Spätsommer-Bodeneule) mit 9.236 reads/OTU, *Scoparia subfusca* (Fam. Crambidae/Zünsler) mit 7654 reads/OTU und *Noctua fimbriata* (Bunte Bandeule) mit 6.993 reads/OTU. Die Bestätigung des mit der konventionellen Kotanalyse ermittelten Silbergras-Zünlers *Pediasia fuscicornis* gelang nicht.

Die Bestimmung von *Pollenia rudis* aus der konventionellen Analyse wurde mit 52 reads/OTU bestätigt und durch den Nachweis der eng verwandten *Pollenia angustigena* mit 245 reads/OTU ergänzt.

Die konventionelle Analyse ermittelte in vier der 20 analysierten Pellets die Fragmente kleiner Wanzen, in einem Fall konnte die Gattung *Lygus* nachgewiesen werden. Die DNA-Analyse ergab den Nachweis von *Adelphocoris lineolatus* (Gemeine Zierwanze) mit 48 reads/OTU und von *Adelphocoris quadripunctatus* (Vierpunktige Zierwanze) mit 21 reads/OTU aus der Familie Miridae.

Die Trichoptera (Köcherfliegen) wurden in beiden Untersuchungsjahren nur in einem einzigen Fall, nämlich in der Probe vom 20. September 2019, als Beutetiere registriert. Sie waren nur in einem Pellet enthalten, stellten in diesem Kotkrümel aber die Hauptbeute. Leider ließ sich durch die DNA-Analyse nicht ermitteln, um welche Köcherfliegen es sich gehandelt hat. Köcherfliegen wurden mit dem Barcoding nicht erkannt. Auch der Nachweis der Mücke *Tipula paludosa*, der in einem Pellet durch die Genitalfragmente eines Mückenmännchens gelang, wurde durch die DNA-Untersuchung nicht bestätigt.

Während beider Untersuchungsjahre fanden sich ab und zu vereinzelt Pellets, die in den Sammelproben bereits durch ihre etwas andersartige Färbung und Form auffielen. Diese Kotkrümel waren sehr hellgrau bis hellbraun gefärbt und teilweise etwas größer als das Material der Fledermäuse. Zusätzlich fiel auf, dass die Enden dieser Kotkrümel in der Regel nicht spitz zuliefen, sondern wie gerade abgehackt wirkten. Es zeigte sich, dass diese Pellets nahezu ausschließlich pflanzliches Material enthielten. Arthropodenreste beschränkten sich – wenn überhaupt vorhanden – auf winzige Reste von Panzern oder Elytren sehr kleiner Käfer. Zusätzlich enthielten diese Krümel teilweise auffallend viele Sandkörner. Um zu klären, wer diese in den Quartieren hinterlassen hat, wurde eine Probe zur DNA-Untersuchung eingeschickt. Das überraschende Ergebnis erbrachte 45 erfasste Tiere mit reads/OTU größer oder gleich zehn, am häufigsten wurde die Fliege *Pollenia rudis* registriert (143 reads/OTU), gefolgt vom Kleinen Hopfen-Wurzelbohrer *Korscheltellus lupulina* (109 reads/OTU) und der Fliege *Pollenia angustigena* (64 reads/OTU). Dieses Ergebnis ist mit dem Ergebnis der konventionellen Kotanalyse nicht in Einklang zu bringen.

Um die Pflanzenreste zu erfassen, wurden sowohl zwei Proben Fledermauskot sowie die Mischprobe aus den Krümeln unbekannter Herkunft mit dem Pflanzenprimer ITS2plant getestet. Für die beiden Proben des Fledermauskots ergaben sich dabei zahlreiche Nachweise. In der Probe vom 08. Mai fanden sich Spuren von Eiche und Asiatischer Zierzwetschge, in der Probe vom 20. September wurden 15 verschiedene Pflanzenarten nachgewiesen. Am häufigsten war die Sonnenblume (*Helianthus annuus*) mit 1.364 reads/OTU, gefolgt vom Gewöhnlichen Natternkopf (*Echium vulgare*, 459 reads/OTU) und dem Rotem Hartriegel (*Cornus sanguinea*, 196 reads/OTU). Vermutlich wurden die Spuren dieser Pflanzenarten über an den Beutefaltern anhaftenden Pollen in den Fledermauskot eingebracht.

Kurioserweise erbrachte der Durchlauf mit dem Pflanzenprimer bei den nahezu ausschließlich Pflanzenreste enthaltenden Pellets unbekannter Herkunft kein brauchbares Ergebnis, es wurden keine Pflanzenarten erkannt.

4 Diskussion

Sowohl die konventionelle Kotanalyse als auch die DNA-Untersuchungen der AIM-GmbH zeigten, dass sich die Grauen Langohren aus den Quartierstandorten Hoheim und Aresing in der Zeit von Ende Mai bis Anfang September weitgehend oder fast ausschließlich von Schmetterlingen ernährten. Von den im Jahr 2018 analysierten 170 Pellets aus Hoheim und Aresing waren 155 (91,2 %) durch die Hauptbeute Lepidoptera geprägt. Nur an einem Sammeltermin (29. Juni 2018 in Aresing) erreichte eine andere Beutetierordnung, nämlich die der Diptera, einen Wert von 80 % Häufigkeit im Beutespektrum. In allen anderen Kotproben wurden die Zweiflügler und weitere Beutetierordnungen nur mit Werten unter 50 % Häufigkeit, meist mit lediglich maximal 30 % Häufigkeit, registriert.

Die Kotuntersuchungen des Jahres 2019 (nur in Hoheim) erbrachten ein ähnliches Ergebnis: In 82 % der analysierten 295 Kotpellets aus der Zeit zwischen März und November 2019 stellten Schmetterlinge die Hauptbeute, 42,7 % der Kotpellets enthielten ausschließlich Lepidoptera-Reste. Lediglich am 08. Mai stellten Käfer in 16 von 20 Pellets die Hauptbeute und dominierten damit diese Probe. Am 23. Mai waren Käfer und Schmetterlinge von gleicher Bedeutung, an den folgenden Sammelterminen wurden die Käfer meist nur in geringer Zahl registriert oder fehlten ganz. Erst ab Mitte September wurden neben den Schmetterlingen regelmäßig auch andere Beutetiergruppen in einzelnen Kotkrümeln als Hauptbeute registriert: Fliegen, Mücken, Blattläuse und Köcherfliegen.

Damit entspricht das Ergebnis der vorliegenden Untersuchungen den Angaben anderer Autoren. So ermittelte Bauerova (1982) in Tschechien bereits vor mehr als 30 Jahren durch Kotanalysen einen Schmetterlingsanteil von 77 Vol.% bis 100 Vol.%, mit einer Vorliebe für mittelgroße Noctuiden. Zwar sind ihre Ergebnisse in Volumen- % nicht mit den Angaben in % Häufigkeit gleichzusetzen, doch zeigen beide Untersuchungen die deutliche Bevorzugung von Schmetterlingen bei der Beutewahl. Auch Beck (1995) stellte bei Kotuntersuchungen in der Schweiz fest, dass Schmetterlinge eindeutig die bevorzugte Beute der Grauen Langohren sind, gefolgt von Zweiflüglern und Käfern. Meineke (1991) ermittelte in Niedersachsen das Beutespektrum von *Plecotus austriacus* und *Plecotus auritus* über die Aufsammlung von Fraßplatzfunden und konnte dabei 66 Lepidoptera-Arten aus elf Familien registrieren. Die drei Familien Noctuidae, Hepialidae und Nymphalidae vereinten 97 % der Gesamtindividuenzahl auf sich. Leider konnte er jedoch nicht unterscheiden, welche Falter den beiden Langohrfledermausarten zuzuweisen waren. Neuere Untersuchungen setzten bereits auf die genetische Analyse der Kotproben. So konnten Razgour et al. (2011) bereits 42 Lepidoptera-Arten und fünf Gattungen als Beute der Grauen Langohren identifizieren.

Anders als vom Braunen Langohr ist das Absammeln von Beute vom Substrat vom Grauen Langohr praktisch nicht bekannt. Die aktuellen Telemetrieergebnisse (NACHTaktiv 2020) in Bayern ermöglichen auch wenige direkte Sichtbeobachtungen, die Rückschlüsse auf das Jagdverhalten des Grauen Langohrs zulassen. Überwiegend flogen die Tiere dabei in mäßiger Geschwindigkeit mit einem Abstand von 0,5 m bis 3 m zur Vegetation: über Getreide- oder Sonnenblumenfeldern, entlang von Waldschneisen, im lichten Wald oder entlang von Hecken. In einer Ortschaft wurden zudem gezielt blühende Lindenbäume aufgesucht. Hier konnten mehrere besenderte Tiere zum Teil gleichzeitig in den dichten Baumkronen fliegend beobachtet werden. Das Verhalten diente vermutlich dazu, Insekten in der Nähe der Lindenblüten zu erbeuten oder sitzende Insekten aufzuscheuchen, um sie dann erbeuten zu können. Ein Landen der Grauen Langohren im Geäst oder eine Ansitzjagd konnte nicht beobachtet werden. Die gefangenen Beutetiere wurden zum Teil vermutlich in einer benachbarten Scheune gefressen oder verdaut, wo Sendertiere immer wieder für kurze Zeit im First des Daches rasteten. Nach Dietz et al. (2007) fehlen Nachweise flugunfähiger Beute beim Grauen Langohr nahezu vollständig. Diese Beobachtung deckt sich mit den Ergebnissen der vorliegenden Untersuchung: Nur in zwei der 295 analysierten Pellets des Jahres 2019 fanden sich wenige Fragmente kleiner Spinnen

(in den Proben vom 07. Juni und 08. Juli). Zusätzlich wurden in einem einzigen der 170 analysierten Pellets des Jahres 2018 (aus der Probe vom 10. Juni/Hoheim) winzige Bruchstücke der Kopfkapsel einer Raupe nachgewiesen. Ein Exemplar dieser Raupen befand sich auch in der Hoheimer Aufsammlung des Arthropodenmaterials aus dem Zeitraum 2017/2018. Dies muss jedoch kein Hinweis auf „gleaning“ sein, da sich viele Raupen bei Störung oder auf dem Weg zur Verpuppung an einem Faden in den Luftraum abseilen können. Auf diese Weise wären sie problemlos auch im Flug zu erbeuten. Die kleinen Spinnen können evtl. im Quartier auf die Fledermäuse gekrabbelt und dort aus dem Fell geputzt worden sein. Ein sicherer Hinweis auf den Beuteerwerb durch „foliage gleaning“ liefern in der Regel zahlreiche Funde von verschiedenen Pflanzenresten in den Kotpellets von Fledermausarten, die zum Beuteerwerb Oberflächen absammeln, wie z. B. bei der Bechsteinfledermaus *Myotis bechsteinii* (Wolz 1992). Beim Ergreifen von Beute, die auf Substrat sitzt, gelangt immer wieder Material des Untergrundes mit den Beutetieren in den Verdauungstrakt der Fledermäuse (Blattstückchen, Rinde, Moosblättchen u. a.). Die Kotproben weisen daher relativ hohe Nachweisraten für derartiges Material auf, bei den Bechsteinfledermäusen aus dem Steigerwald lagen die Nachweiswerte mehrfach bei Werten über 60 % Häufigkeit (Wolz 1992). In den Proben der Langohren aus Hoheim und Aresing fanden sich Pflanzenreste dagegen nur selten (in sieben der 170 Pellets des Jahres 2018, dies entspricht 4,1 % sowie in elf der 295 Pellets des Jahres 2019, dies entspricht 3,7 %).

Es ist durch die konventionelle Kotanalyse nicht möglich, Beutetierlisten zu liefern, die denen der DNA-Untersuchungen vom Umfang her auch nur annähernd ähneln. Auch wenn bei wenigen Arten mit charakteristischen Körpermerkmalen Artbestimmungen erreicht werden können, so ist es doch bei den meisten Schmetterlingen oder z. B. auch den Tipuliden und Mycetophiliden nur über die Genitalarmaturen der Männchen möglich, eine sichere Artbestimmung zu gewährleisten. Es kann Jahre dauern, bis man im Kotmaterial einer Fledermausart ausreichend gut erhaltene Fragmente findet, die Rückschlüsse auf die Beutetierart zulassen (Wolz 2018; Dauer der Untersuchungen: 10 Jahre; Zahl der analysierten Kotpellets: 4.350; Zahl der identifizierten Beutetierarten: 69). Bei den insgesamt 465 analysierten Pellets der vorliegenden Untersuchung war dies oft nicht gegeben, in vielen Kotkrümeln waren weder Bein- noch Antennenbruchstücke oder die Reste männlicher Genitalien erkennbar, selbst von den durch die Eier und die Tarsenform bestimmten Beutefaltern *Korscheltellus lupulina* und *Triodia sylvina* lagen meist keine Bruchstücke von Männchen vor.

Gelingt jedoch eine Artbestimmung aus dem Bruchstückmaterial, so lassen sich unter Umständen daraus weitgehende Schlüsse auf das Jagdgebiet der Fledermäuse ziehen. Im Jahr 2019 wurde der Silbergras-Zünsler *Pediasia fascelinella* als Beute der Grauen Langohren aus Hoheim bestimmt, dessen Raupen an Silbergras (*Corynephorus canescens*) fressen. Dies bedeutet, dass die Grauen Langohren regelmäßig Flächen anfliegen, die von Silbergrasfluren bewachsen sind. Silbergras besiedelt lockeren Sand und ist besonders gut an trockene Lebensräume angepasst. Es gilt als Pionierpflanze auf offenen und humusfreien Flächen, sein Hauptvorkommen sind daher sandige Trockenrasen (Internetquelle 4). In der näheren Umgebung des Quartieres in Hoheim (rund zwei Kilometer Luftlinie entfernt) findet sich eine derartige Fläche vermutlich nur auf einem aufgelassenen Flugplatzgelände im Klosterforst. Die Kotanalysen bestätigen somit die Ergebnisse der Telemetrieuntersuchungen (NACHTaktiv 2020), dass die Hoheimer Fledermäuse diesen Bereich regelmäßig zur Jagd aufsuchen.

Die konventionelle Kotanalyse der Jahre 2018 und 2019 ergab insgesamt elf nachgewiesene Beutetierordnungen, wobei die Spinnen als vermutlich nicht aktiv gejagte Beute zu vernachlässigen sind. Im Jahr 2019 wurde nicht nur in der Zeit von Ende Mai bis September, sondern auch zu Beginn und gegen Ende der Aktivitätsperiode der Fledermäuse Kot gesammelt. Hier zeigte sich bei den Frühjahrsproben, dass die Grauen Langohren gerne auch andere Beute als Schmetterlinge fangen, wenn diese zahlreich im Jagdgebiet unterwegs ist. Sowohl das Beutespektrum vom 08. Mai als auch vom 23. Mai war hauptsächlich bzw. weitgehend von mittelgroßen Käfern vermutlich der Art *Rhizotrogus aestivus*

bestimmt, in zwei Pellets konnten Fragmente von Maikäfern identifiziert werden. Auch im Herbst fingen die Fledermäuse Beutetiere, die nicht zu den sonst bevorzugten Gruppen gehören. Dies waren vor allem zahlreiche Fliegen vermutlich aus der Familie der Clusterfliegen (Polleniidae), die im Herbst in Gebäude einfliegen und dort direkt im Quartier von den Tieren erbeutet werden können. Dies ist für die Langohren vermutlich eine willkommene Beute, wenn in den Jagdgebieten bereits Mangel an verfügbaren Faltern herrscht. Ungewöhnliche Hauptbeute in je einem Pellet waren am 20. September 2019 die Köcherfliegen und am 20. Oktober 2019 die Blattläuse, beide Beutetiergruppen waren sowohl 2018 wie auch 2019 vorher nicht in den Kotproben nachgewiesen worden. Vor allem das Pellet mit den Blattlausresten war sehr auffällig: hunderte winzige Fragmente von Beinen, Flügeln und Köpfen, dicht zusammengepackt, erweckten den Eindruck von Zwergfledermauskot. Da aber definitiv ausgeschlossen werden kann, dass andere Fledermausarten in das Langohrquartier einflogen (C. Söder, mdl. Mitt.), ist diese winzige Beute den Langohrfledermäusen zuzuordnen. Die Spannweite der Beutegrößen liegt damit für die Grauen Langohren der vorliegenden Untersuchung zwischen einer Kopf-Rumpf-Länge von zwei bis drei Millimetern bei den Blattläusen bis zu etwa zwei Zentimetern bei den Maikäfern.

Ein Vorteil der Kotanalyse gegenüber dem DNA-Abgleich besteht darin, dass gesichert ist, welche Beutetiere tatsächlich von den Fledermäusen verschluckt wurden. Das Beutespektrum wird in seiner gesamten Breite deutlich, auch wenige Fragmente von anderen Beutetierordnungen wie z. B. von Wanzen, Hautflüglern, Pilzmücken, Blattläusen und Köcherfliegen fallen bei dem Zerzupfen der Krümel sofort auf. Die Genetik erfasst dagegen auch sekundäre Verunreinigungen des Kotes. Die Überprüfung der von der AIM-GmbH gelieferten Listen mit den Ergebnissen der DNA-Untersuchungen ergab, dass eine ganze Reihe der genannten Taxa keine Fledermausbeute war. Bei diesen Angaben handelte es sich um eventuell eingetragene Umweltspuren (Nachweise von Rothirsch, Hausschaf, Wildschwein und Waschbär in den Proben vom 23. August und 22. September 2018 aus Hoheim) oder aber von Tieren, die ihre DNA-Spur auf den Kotkrümeln hinterlassen hatten, ohne jedoch Beute gewesen zu sein (Bücherläuse, Milben, Speckkäfer und andere). Durch die Beschränkung der registrierten Beutetaxa auf diejenigen, die mit reads/OTU größer 10 und einer HIT% ID range über 97 % gelistet waren, fielen die meisten dieser Taxa aus der Beutetierliste, jedoch blieben bis zum Schluss Fehlbestimmungen übrig. Dies waren z. B. eine asiatische Libelle, mehrere in Europa nicht vorkommende Falter und Wanzen sowie – besonders auffallend – der Nachweis einer Krabbenart, eines Zierfisches, einer Quallengattung sowie von Yak und Östlichem Glattschweinswal in der Probe vom 22. September aus Hoheim. Andere wahrscheinliche Fehlbestimmungen werden nur dann erkannt, wenn man die Lebensweise der Beutetiere kennt, z. B. der Frühlingfalter *Korscheltellus lupulina*, der fälschlicherweise am 23. August in Hoheim als Beute nachgewiesen wurde, oder die Lebensweise der Fledermäuse einbezieht, z. B. bei den tagaktiven Feldheuschrecken der Gattung Chorthippus.

Schon bei einer früheren vergleichenden Untersuchung fiel auf, dass das Barcoding Beutetiere nicht erfasste, die mit der Kotanalyse problemlos erkannt werden konnten. Bei den Großen Hufeisennasen aus Hohenburg waren dies die Wanzen der Familie Miridae sowie die für das Beutespektrum dieser Fledermausart sehr wichtigen Hautflügler der Unterfamilie Ophioninae, die nicht detektiert wurden (Wolz 2018). Auch bei den Grauen Langohren wurden bis auf eine Ausnahme die Wanzen der Familie Miridae nicht erkannt; diese waren zwar keine häufige, aber regelmäßige Beute der Grauen Langohren beider Quartierstandorte. Dieses Problem wird wahrscheinlich durch den eingesetzten Primer verursacht, denn die verschiedenen Primer detektieren die Insektenordnungen unterschiedlich genau. Bei den DNA-Analysen, die den Tabellen 5 und 12 zugrunde liegen, handelte es sich um den Primer COI, der die Beutetierordnungen Heteroptera und Hymenoptera vermutlich nur ungenügend erfasst. Die Frage nach dem richtigen Primer für eine Kotprobe ist jedoch schwer zu beantworten, wenn man das Beutespektrum der zu untersuchenden Fledermausart nicht kennt. So können trotz DNA-Ab-

gleichs ganze Beutetierordnungen übersehen werden. Vom Einsatz des Primers hängt auch ab, welche Datenbanken zum Vergleich herangezogen werden (J. Morinière, mdl. Mitt.). Hier liegt eine weitere mögliche Fehlerquelle.

Um die Auswirkungen des Einsatzes verschiedener Primer auf die entstehenden Beutetierlisten sichtbar zu machen, wurden mehrere Kotproben mit weiteren Primern getestet. Vor allem die durch die DNA-Analysen nicht detektierten Weichwanzen sollten so nachgewiesen werden. Dies gelang jedoch nur bedingt. Die verwendeten Primer detektierten lediglich sehr eingeschränkte Beutetierlisten und zeigten sich insgesamt wenig geeignet zur Ermittlung von Arthropoden-DNA. Der Primer 12 S erfasste die Wanze *Lygus pratensis* nur mit einem read/Probe am 12. Juli 2018 (Hoheim). Der Primer 16 S wies – bei deutlich eingeschränkter Beutetierliste – zwei Wanzenarten aus der Familie der Weichwanzen in der Probe vom 22. September nach. Die Probe vom 22. September 2018 aus Hoheim wurde nach dem ersten Durchlauf mit dem Primer COI mit weiteren fünf Primern getestet. Das Ergebnis erbrachte zwar den Nachweis zweier Wanzenarten aus der Familie der Miridae, aber insgesamt nur sehr eingeschränkte Beutetierlisten mit wenigen, teilweise sogar mit nur einem einzigen nachgewiesenen Beutetier (Primer CO HEX I und COII). Alle fünf eingesetzten Primer erwiesen sich als nicht geeignet, aussagekräftige Beutetierlisten aus den Kotproben zu generieren.

Das „Primer-Problem“ wurde bereits von RAZGOUR et al. (2011) bei einer Untersuchung der sympatrischen Arten *Plecotus auritus* und *Plecotus austriacus* in Südenland thematisiert. Sie nutzten die konventionelle Kotanalyse zur Überprüfung der eingesetzten Primer: „In order to test for primer amplification biases against certain prey orders, we used traditional microscopic methods ... to determine prey composition in all fecal samples analyzed genetically. We looked for the presence of prey orders that were absent from the molecular study and for differences in prey order composition in terms of percent frequency of occurrence (% FO) in diet.“

Fazit: Mit der konventionellen Kotanalyse allein können in der Regel nur wenige Beutetiere bis zur Art bestimmt werden. Die Bestimmung von Beutetaxa aus Fragmenten ist schwierig, sehr zeitaufwendig und erfordert die Artenkenntnis einer ganzen Reihe von Spezialisten. Die Zusammensetzung eines Beutespektrums aus verschiedenen Arthropodenordnungen kann dagegen jedoch ohne großen labor-technischen Aufwand relativ schnell ermittelt werden. Auch die Häufigkeitsverhältnisse der von den Fledermäusen erbeuteten Insektenordnungen lassen sich so feststellen. Dazu kommt, dass manche Fledermausarten wie z. B. das Braune und das Graue Langohr regelmäßig feste Plätze aufsuchen, an denen sie die Beute vor dem Verschlucken bearbeiten, das heißt, Beine und Flügel abbeißen. Mit Hilfe dieser Fragmente kann zusätzlich eine Liste potentieller Beutetiere erstellt werden.

Der Einsatz des Barcoding dagegen erbringt bei Verwendung des richtigen Primers (oder einer Kombination mehrerer geeigneter Primer) detaillierte und umfangreiche Beutetierlisten, im Fall der Grauen Langohren aus Hoheim und Aresing vor allem für die Hauptbeute dieser Fledermausart, die Schmetterlinge. Für die beiden Quartierstandorte wurden so insgesamt 79 Schmetterlingsarten und zusätzlich eine weitere Gattung registriert. Mit dem Anwachsen der Vergleichsdatenbanken eröffnen sich hier enorme Möglichkeiten für künftige Untersuchungen (Hausmann 2017). Bei den vorliegenden DNA-Analysen zeigten sich jedoch noch verschiedene Fehlbestimmungen. Es empfiehlt sich daher, jedes detektierte Beutetier auf seine Plausibilität hin zu überprüfen. Da ganze Insektenordnungen nicht registriert wurden, weil sie der eingesetzte Primer nicht richtig abbildete, wurde das Beutespektrum nicht in seiner ganzen Breite erfasst. Setzt man das Barcoding bei ganz gezielten Problemstellungen ein, z. B. bei der Frage nach bestimmten Arten, die von Fledermäusen als Beute genutzt werden, so wäre der Einsatz des richtigen Primers kein Problem. Wie die Untersuchungen an den Grauen Langohren in Aresing und Hoheim gezeigt haben, erbeuteten die Fledermäuse in Hoheim z. B. den in der Landwirtschaft relevanten *Ostrinia nubilalis* (Maiszünsler) sowie in Aresing und Hoheim *Thaumetopoea*

processionea (Eichen-Prozessionsspinner) in teils großer Zahl. Der Maiszünsler wurde zwar als Beutetierart auch in der konventionellen Kotanalyse erkannt, doch nur ein einziges Mal im Material des Jahres 2018 bzw. in zwei Pellets des Jahres 2019 mit Hilfe eines Genitalfragments der Männchen. Hier ist die DNA-Analyse eindeutig überlegen.

5 Literatur

AIM-GmbH (2018): Infoblatt zu Beurteilung und Interpretation der Ergebnislisten.

www.aimethods-lab.com

Arlettaz, R., Ruedi, M. & J. Hausser (1993): Ecologie trophique de deux espèces jumelles et sympatriques de chauves-souris: *Myotis myotis* et *Myotis blythii* (Chiroptera: Vespertilionidae). Premiers résultats. *Mammalia*, 57, Nr. 4, S. 519–531.

Arlettaz, R., Perrin, N. & J. Hausser (1997): Trophic resource partitioning and competition between the two sibling species *Myotis myotis* and *Myotis blythii*. *J. of Animal Ecology*, 66, S. 897–911.

Bauerova, Z. (1982): Contribution to the trophic Ecology of the Grey Long-Eared Bat, *Plecotus austriacus*. *Folia Zoologica*, 31, Brno 1982, S. 113–122.

Beck, A. (1995): Fecal Analyses of European Bat Species. *Myotis*, Bd. 32 – 33, Bonn 1995, S. 109–119.

Dietz, C., v. Helversen, O. & D. Nill (2007): Handbuch der Fledermäuse Europas und Nordwestafrikas. Franckh-Kosmos Verlags-GmbH, Stuttgart, 399 S.

Güttinger, R., Hoch, S. & A. Beck (2006): Die Nahrung und potentiellen Jagdhabitats des Grossen Mausohrs (*Myotis myotis*) in Triesen, Fürstentum Liechtenstein. Bericht Botanisch-Zoologische Gesellschaft Liechtenstein-Sargans-Werdenberg, 32, Schaan 2006, S. 165–174.

Hausmann, A. (2017): Das Projekt Barcoding Fauna Bavarica: Monitoring von Bestandsveränderungen und Einwanderungen von Insekten in Bayern. Rundgespräche Forum Ökologie, Bd. 46 „Tierwelt im Wandel – Wanderung, Zuwanderung, Rückgang“. Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München 2017, S. 91–104.

Kotrba, M. (2014): Flies and midges – Fliegen und Mücken. A family album – Ein Familienalbum. Verlag Goecke & Evers, Keltern 2014, 195 S.

LfU (Bayerisches Landesamt für Umwelt) (2017): Rote Liste und Gesamtartenliste der Säugetiere Bayerns. Online unter: https://www.lfu.bayern.de/natur/rote_liste_tiere/2016/index.htm.

Meineke, T. (1991): Auswertung von Fraßresten der beiden Langohrarten *Plecotus auritus* L. und *Plecotus austriacus* F. *Natursch. Landschaftspf. Niedersachs.*, Hannover, Heft 26, S. 37–45.

Meschede, A. & B.-U. Rudolph (2004): Fledermäuse in Bayern. Eugen Ulmer Verlag GmbH Stuttgart, 411 S.

Meschede, A. & B.-U. Rudolph (2010): 1985–2009: 25 Jahre Fledermausmonitoring in Bayern – Hrsg: Bayerisches Landesamt für Umwelt, 94 S.

Morinière, J., de Araujo, B. C., Wai Lam, A., Hausmann, A., Balke, M., Schmidt, S., Hendrich, L., Doczkal, D., Fartmann, B., Arvidsson, S. & G. Hazprunar (2018): Species identification in Malaise Trap Samples by DNA Barcoding Based on NGS Technologies and a Scoring Matrix. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155497>.

Nachtaktiv (2020): Habitatnutzung von ausgewählten Wochenstubenvorkommen des Grauen Langohrs (*Plecotus austriacus*) in gehölzarm strukturierten Landschaften Bayerns – Studie im Rahmen des „Artenhilfsprojekts Graues Langohr“ aus dem Biodiversitätsprogramm Bayern 2030 der Bayerischen Staatsregierung.

Pereira, M. J. R., Rebelo, H., Rainho, A. & J. M. Palmeirim (2002): Prey selection by *Myotis myotis* (Vespertilionidae) in a Mediterranean region. *Acta Chiropterologica*, 4 (2), S. 1–11.

Razgour, O., Clare, E. L., Zeale, M. R. K., Hammer, J., Baerholm Schnell, I., Rasmussen, M., Gilbert, T. P. & G. Jones (2011): High-throughput sequencing offers insight mechanisms of resource partitioning in cryptic bat species. Blackwell Publishing Ltd., S. 1–15.

Scheunert, A., Zahn, A. & Kiefer, A. (2009): Phenology and roosting habits of the Central European grey long-eared bat *Plecotus austriacus* (Fischer 1829). *European Journal of Wildlife Research*. DOI 10.1007/s10344-009-0333-9

Wachmann, E., Melber, A. & J. Deckert (2007): Wanzen. Band 3. Pentatomorpha I. Goecke & Evers Verlag, Keltern, 206 S.

Wolz, I. (1992): Zur Ökologie der Bechsteinfledermaus *Myotis bechsteini* (KÜHL, 1818) (Mammalia: Chiroptera). Dissertation an der Friedrich-Alexander-Universität Erlangen, 1992, 147 S.

Wolz, I. (2018): 10jährige Nahrungsanalysen bei Großen Hufeisennasen (*Rhinolophus ferrumequinum*) aus Hohenburg in der Oberpfalz/Bayern, 2008–2017. Bayerisches Landesamt f. Umwelt (Hrsg.), UmweltSpezial, 70 S.

Zukal, J. & M. Gajdosik (2012): Diet of *Eptesicus serotinus* in an agricultural landscape. *Vespertilio* 16, S. 357–363.

Internetquellen

Institut für Schädlingskunde:

<https://schaedlingskunde.de/schaedlinge/steckbriefe/kaefer/gefleckter-pelzkaefer-attagenus-pellio/gefleckter-pelzkaefer-attagenus-pellio/>

Bücherläuse (Wikipedia):

<https://de.wikipedia.org/wiki/Bücherläuse>

Wollkrautblütenkäfer (Wikipedia):

<https://de.wikipedia.org/wiki/Wollkrautblütenkäfer>

Silbergras (Wikipedia):

<https://de.wikipedia.org/wiki/Silbergras>

Danksagung

Mein herzlicher Dank gilt den Quartierbetreuern Frau Brigitte Streber aus Aresing und Herrn Christian Söder aus Hoheim, die mich regelmäßig mit Kotproben und Arthropodenfunden aus den Wochenstuben versorgten und mir Fotos der Sammelstellen zur Verfügung stellten. Herr Morinière von der AIM-GmbH in München beantwortete mir zahlreiche Fragen zum Verfahren der NGS Next Generation Sequencing Methode, auch dafür meinen herzlichen Dank.

Die Bestimmung von Beutetieren aus den Fragmenten im Fledermauskot ist zeitaufwendig und schwierig. Sie erfordert spezielles Wissen über Strukturen der Beuteinsekten, die oft nicht in den Angaben der Bestimmungsschlüssel zu finden sind. Ich danke daher allen Fachleuten, die Beutetiere nach meinen Präparaten und Fotos bestimmten, mich mit Vergleichsmaterial versorgten oder mir spezielle Fragen beantworteten:

- Herrn Ralf Bolz (Sugenheim) für die Bestimmung der Schmetterlingsflügel sowie für zahlreiche Falter für meine Vergleichssammlung,
- Herrn Markus Bräu (München) für die Bestimmung der Wanze *Leptoglossus occidentalis*,
- Herrn Axel Gruppe (Freising) für die Begutachtung der Netzflüglerfunde im Quartiergebäude,
- Herrn Karl-Heinz Wickl (Schnaittenbach) für die Bestimmung der Hautflügler nach Flügelfunden,
- Herrn Werner Wolf (Bindlach) für die Begutachtung von Fotos der Schmetterlingsgenitalien.

Frau Anika Lustig organisierte und koordinierte die Untersuchungen an den Langohrfledermäusen an beiden Quartierstandorten, auch dafür herzlichen Dank!

Den Herren Matthias Hammer und Andreas Zahn danke ich für die kritische Durchsicht des Manuskripts und zahlreiche Anregungen.

6 Anhang

6.1 Methodenbeschreibung der AIM-GmbH (J. Morinière)

Die trockenen Kotpellets werden in einem 50 mL Falconröhrchen mit einem sterilen Edelstahl Pistill homogenisiert, und etwa 200–500 µg des Homogenisats werden für die DNA-Extraktion in ein 1,5 mL Eppendorf Gefäß gegeben. Anschließend wird mit kommerziellen Kits die DNA aus dem Homogenisat herausgelöst – die Lyse geschieht hierbei (*entsprechend den Vorgaben des Extraktionskits*) bei 56 °C über Nacht. Nachdem die DNA über Säulchen abgeschlossen ist, wird die aufgereinigte DNA als Ausgangspunkt für die PCR-Reaktion mit entsprechenden mini barcode Primern (*Für den Metabarcoding Ansatz dürfen die amplifizierten DNA Fragmente nicht zu lang sein, lediglich 350 bis maximal 400 bp sind hier erlaubt.*) verwendet. Herkömmlicherweise wird das Primerpaar dgHco/mlCOLintF von LERAY et al. (2013) hierfür verwendet, da dieser Primer eine hohe Erfolgsquote quer über alle terrestrischen Arthropoden gezeigt hat. Der Erfolg der Barcode-PCR wird durch eine im Anschluss durchgeführte Gelelektrophorese überprüft. Erfolgreich amplifiziertes PCR-Produkt wird anschließend aufgereinigt, und in einer weiteren PCR-Reaktion werden den Proben einzigartige Indexsequenzen angefügt. Das Anfügen (*oder auch Ligieren*) der Indices hat zwei Funktionen. Zum einen dient es dazu, die PCR Produkte jeder Einzelprobe mit einer einzigartigen Basensequenz auszustatten, welche es erlaubt jede Einzelprobe im bioinformatischen Prozess nach der Sequenzierung wieder identifizieren zu können (*alle PCR Produkte werden nämlich an einem Punkt des Protokolls zusammengeschüttet – ohne Indizierung würde man hier die Information verlieren, welcher Probe welches PCR-Produkt – und damit die zu detektierenden Arten – zugeordnet war*). Zum anderen dient die Indizierung dazu, die PCR-Produkte mit einer „Adaptersequenz“ auszustatten, mit welcher die Sequenzen auf dem Sequenzierer (*MiSeq*) anheften können. Anschließend wird die DNA-Konzentration jeder geindexten Probe (*ab jetzt spricht man von einer library*) gemessen, und die libraries werden äquimolar zusammengepoolt. Die pools werden nun gröÙenselektiert – hierbei werden ungenutzte Primer und nicht geindexte Sequenzreste entfernt. Im Anschluss werden die librarypools erneut gemessen und zu einer finalen library zusammenpipettiert. Diese Probe wird nun sequenziert.

Nach der Sequenzierung werden die Rohdaten mittels bestimmter Bioinformatik aufgereinigt und in sogenannte OTUs (= *Operational Taxonomical Units*) geclustert. Diese OTU-Sequenzen bilden den Ausgangspunkt für den Vergleich mit den globalen DNA barcode Referenzdatenbanken. Innerhalb der bioinformatischen pipeline werden die OTU-Sequenzen gegen Referenzdaten abgeglichen und falls möglich mit einem Artnamen (*und kompletter taxonomischer Hierarchie*) ausgestattet. Diese Ergebnisse werden dann in einem Report zusammengefasst. Hier können die detektierten Sequenzen eines OTU-clusters (*die sogenannten reads*), welche nun bereits mit einer Taxonomie ausgestattet sind, für jede Einzelprobe dargestellt werden.

Leray, M., Yang, J. Y., Meyer, C. P., Mills, S. C., Agudelo, N. et al. (2013): A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: application for characterizing coral reef fish gut contents. *Frontiers in Zoology*, 10(1), 34 S.

6.2 Gesamtbeutespektrum der Grauen Langohren aus Hoheim und Aresing in 2018

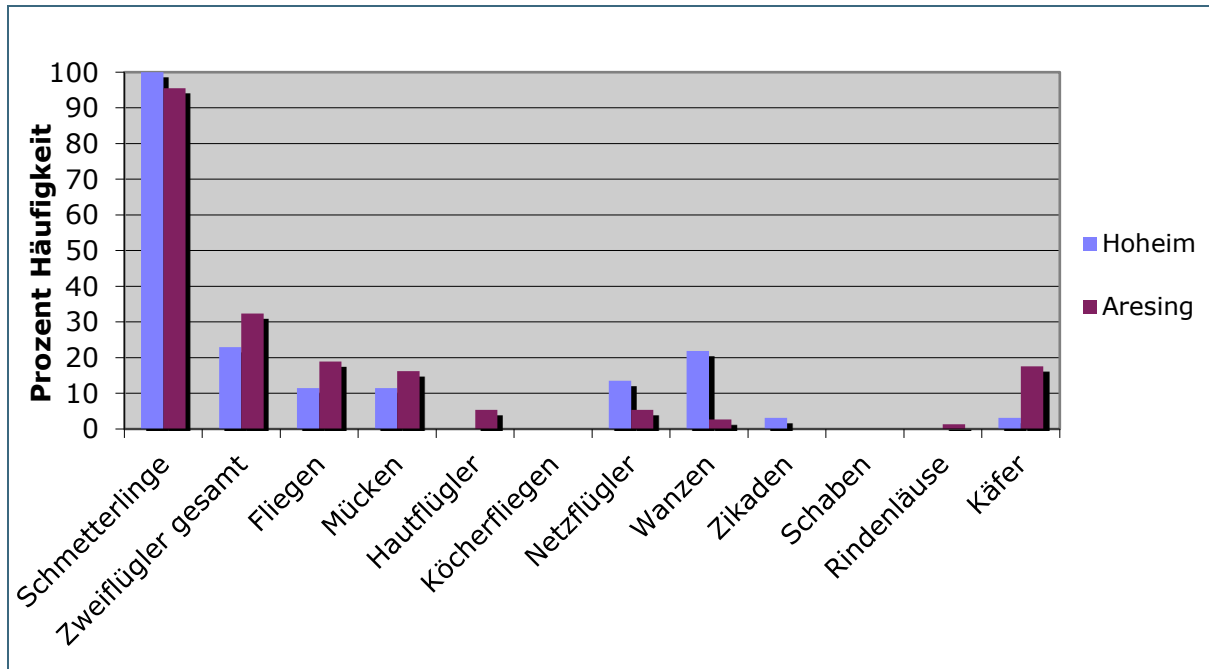


Abb. 21: Vergleich des Gesamtbeutespektrums der Grauen Langohren aus Hoheim und Aresing im Jahr 2018

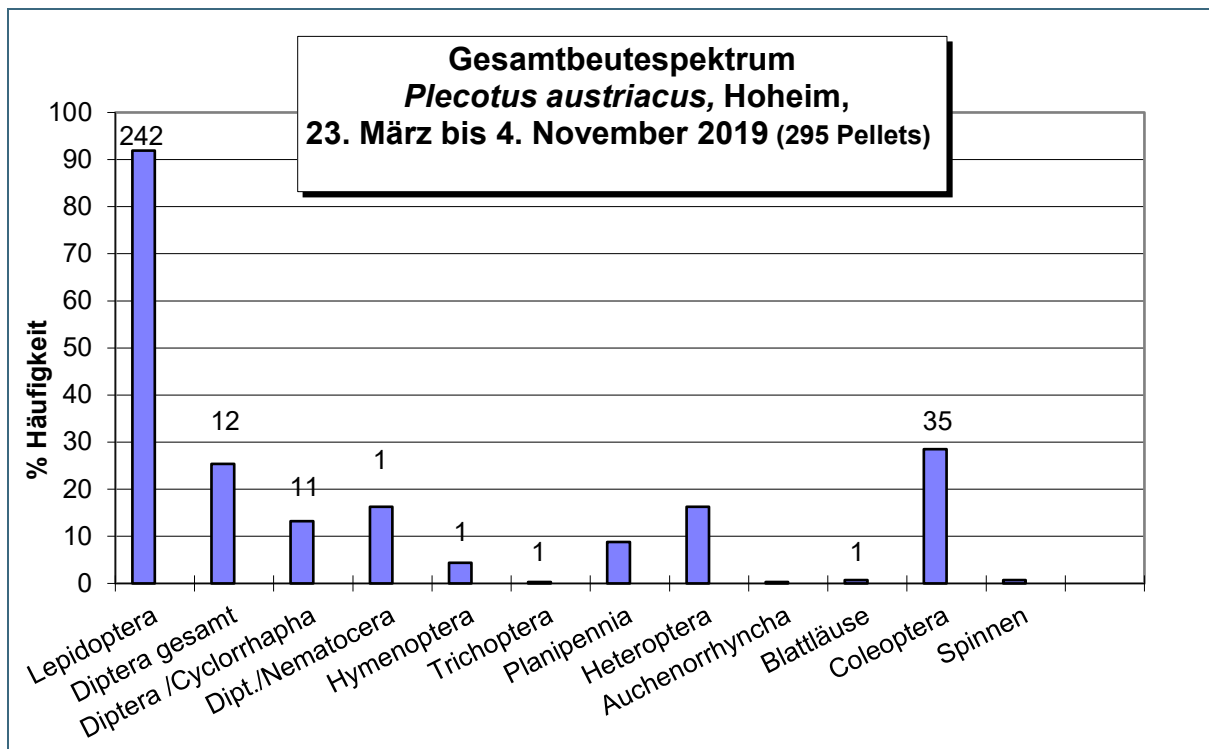


Abb. 22: Gesamtbeutespektrum des Jahres 2019, ermittelt aus 16 Kotproben mit insgesamt 295 analysierten Pellets. Die Zahlen über den Säulen geben an, in wie vielen Pellets der Proben die entsprechende Arthropodengruppe die Hauptbeute bildete.

6.3 Gesamtbeutetierliste der Grauen Langohren aus Hoheim und Aresing

Tab. 17: Gesamtbeutetierliste der Grauen Langohren aus Hoheim (20. Mai bis 22. September 2018 bzw. 23. März bis 04. November 2019) und Aresing (10. Juni bis 24. August 2018). (Abkürzungen: Ka: Kotanalyse, Bc: Barcoding mit dem Primer COI, As: Aufsammlung)

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
O. Coleoptera			
Fam. Elateridae (Schnellkäfer)			
<i>Dalopus marginatus</i>		Bc	
Fam. Scarabaeidae (Blatthornkäfer)			
<i>Melolontha melolontha</i>	Ka		
<i>Amphimallon solstitiale</i>	Ka, Bc, As	Ka, Bc	
<i>Rhizotrogus aestivus</i>	Ka, As, Bc 2019		
Fam. Dermestidae (Speckkäfer)			
<i>Attagenus pellio</i>	Bc		Als Beute fraglich
<i>Anthrenus verbasci</i>	Bc		Aus Primer-Test, als Beute fraglich
Fam. Dytiscidae (Schwimmkäfer)			
<i>Platambus maculatus</i>	Bc		Als Beute fraglich
O. Diptera			
Fam. Anthomyiidae (Blumenfliegen)			
<i>Delia radicum</i>	Bc 2019		
Fam. Cecidomyiidae (Gallmücken)			
<i>Asteromyia clarkei</i>	Bc 2019		
Fam. Empididae (Tanzfliegen)			
<i>Empis stercorea</i>	Bc		
Fam. Tipulidae (Schnaken)			
<i>Tipula paludosa</i>	Ka		
<i>Tipula lunata</i>	Ka, Bc		
<i>Tipula nubeculosa</i>		Ka, Bc	
<i>Tipula submarmorata</i>		Bc	
<i>Tipula scripta</i>		Ka	
Fam. Chironomidae (Zuckmücken)			
<i>Orthocladius sp.</i>	Bc		

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
<i>Tanytus punctipennis</i>	Bc		
<i>Tanytarsus lestagei</i>	Bc		
<i>Tanytarsus mendax</i>	Bc		
Fam. Fanniidae			
<i>Fannia sociella</i>	Bc		
Fam. Limoniidae (Stelzmücken)			
<i>Metalimnobia quadrimaculata</i>	Bc		
Fam. Calliphoridae (Schmeißfliegen)			
<i>Lucilia cuprina</i>	Bc		Aus Primer-Test
<i>Pollenia angustigena</i>	Bc 2019		
<i>Pollenia rudis</i>	Ka, Bc, Bc 2019		Aus Primer-Test
Fam. Muscidae (Echte Fliegen)			
<i>Muscina levida</i>	Bc		
Fam. Mydidae			
<i>Aplophora quadricinctata</i>	Bc		
Fam. Psychodidae (Schmetterlingsmücken)			
<i>Clytocerus ocellaris</i>	Bc		
Fam. Sciaridae (Trauermücken)			
<i>Bradysia urticae</i>	Bc		Aus Primer-Test
Fam. Syrphidae (Schwebfliegen)			
<i>Didea intermedia</i>		Bc	
<i>Toxomerus norma</i>	Bc 2019		
Fam. Tachinidae (Schmarotzerfliegen)			
<i>Blondella nigripes</i>	Bc		
Tephritidae (Fruchtfliegen)			
<i>Hexachaeta eximia</i>	Bc 2019		
O. Hemiptera			
Fam. Aphididae (Röhrenblattläuse)			
<i>Eucallipterus tiliae</i>		Bc	
Fam. Cicadellidae (Zwergzikaden)			
<i>Eupteryx sp.</i>	Bc		
<i>Orientus ishidae</i>	Bc		
Fam. Iassidae			

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
<i>lassus lanio</i>	Bc		
Fam. Coreidae (Lederwanzen)			
<i>Leptoglossus occidentalis</i>	As		
Fam. Miridae (Weichwanzen)			
<i>Adelphocoris fasciaticollis</i>	Bc		Aus Primer-Test
<i>Adelphocoris lineolatus</i>	Ka, Bc 2019		
<i>Adelphocoris quadripunctatus</i>	Bc 2019		
<i>Lygus pratensis</i>	Ka, Bc		Aus Primer-Test
<i>Lygus rugulipennis</i>	Bc		
O. Hymenoptera			
Fam. Ichneumonidae (Schlupfwespen)			
UFam. Ophioninae			
<i>Ophion sp.</i>	Ka		
UFam. Tryphoninae			
<i>Netelia sp.</i>	Ka		
Fam. Formicidae (Ameisen)			
<i>Tetramorium caespitum</i>	Bc		
Fam. Tenthredinidae (Blattwespen)			
<i>Cladius pectinicornis</i>	Bc	Bc	
Fam. Vespidae (Faltenwespen)			
<i>Vespula germanica</i> = <i>Paravespula gemanica</i>	Bc, As		
<i>Vespula vulgaris</i> = <i>Paravespula vulgaris</i>	Bc	Bc	
O. Lepidoptera			
Fam. Adelidae (Langhornmotten)			
<i>Nematopogon swammerdamella</i>	Ka		
Fam. Erebidae			
<i>Aristaria sp.</i>	Bc		
<i>Herminia tarsipennalis</i>	Bc		
<i>Hypena proboscidalis</i>	Bc		
<i>Rivula sericealis</i>	Bc		
Fam. Cossidae (Holzbohrer)			
<i>Cossus cossus</i>	Bc		

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
Fam. Crambidae (Rüsselzünsler)			
<i>Agriphila inquinatella</i>	Bc		
<i>Agriphila straminella</i>		Bc	
<i>Anania stachydalis</i>	Ka		
<i>Chilo phragmitella</i>	Bc		
<i>Chrysoteuchia culmella</i>	Ka,Bc	Bc	
<i>Crambus perlella</i>	Bc		
<i>Crambus lathoniellus</i>		Bc	
<i>Ostrinia nubilalis</i>	Ka, Bc		
<i>Pediasia fascelinella</i>	Ka		
<i>Pediasia luteella</i>	Bc		
<i>Scoparia subfusca</i>	Bc 2019		
<i>Thisanotia chrysonuchella</i>	Ka, Bc		
Fam. Endromididae (Birkenspinner)			
<i>Endromis versicolora</i>	Ka		
Fam. Geometridae (Spanner)			
<i>Cepphis advenaria</i>		Bc	
<i>Eupithecia tantillaria</i>		Bc	
<i>Idaea rusticata</i>	Bc		
<i>Lycia zonaria</i>	Bc		
<i>Scopula floslactata</i>		Bc	
<i>Timandra comae</i>		Bc	
Fam. Hepialidae (Wurzelbohrer)			
<i>Korscheltellus lupulina</i>	Ka, Bc, Bc 2019		
<i>Triodia sylvina</i>	Ka, Bc, Bc 2019	Ka, Bc	
Fam. Lasiocampidae (Glucken)			
<i>Euthrix potatoria</i>	Bc		
Fam. Noctuidae (Eulenfalter)			
<i>Abromias monoglypha</i>	Bc		
<i>Abrostola triplasia</i>	Bc	Bc	
<i>Actinotia polyodon</i>	Bc		
<i>Acronicta rumicis</i>	Bc	Bc	
<i>Agrotis bigramma</i>	Bc		
<i>Agrotis exclamationis</i>	Bc	Bc	

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
<i>Agrotis ipsilon</i>	Bc, As	Bc	
<i>Agrotis segetum</i>	Bc	Bc	
<i>Amphipyra tragopoginis</i>	As		
<i>Amphipyra pyramidea</i>	As		
<i>Anarta trifolii</i>	As		
<i>Apamea anceps</i>	Bc		
<i>Apamea sordens</i>	Bc		
<i>Apamea lithoxylaea</i>	Bc		
<i>Apamea monoglypha</i>	As		
<i>Aporophyla lueneburgensis</i>	Bc 2019		
<i>Autographa gamma</i>	Ka, Bc, Bc 2019	Bc	
<i>Axylia putris</i>	Bc		
<i>Caradrina morpheus</i>	Bc		
<i>Chilodes maritima</i>	Bc		
<i>Conistra rubiginosa</i>	As		
<i>Diachrysia chrysitis</i>	Bc	Bc	
<i>Euxoa fuscigerus</i>	Bc		
<i>Euxoa cf. nigrofusca</i>	As		
<i>Euxoa oncocnemoides</i>	Bc		
<i>Hormorthodes pertuba</i>	Bc		
<i>Hoplodrina ambigua</i>	Bc	Bc	
<i>Hoplodrina blanda</i>	Bc		
<i>Hoplodrina octogenaria</i>	Bc		
<i>Hydraecia micacea</i>		Bc	
<i>Lacanobia oleracea</i>	Bc	Bc	
<i>Lacanobia w-latinum</i>	Bc		
<i>Macdunnoughia confusa</i>	Bc		
<i>Mamestra brassicae</i>	Bc		
<i>Mesapamea secalella</i>	Bc		
<i>Mesapamea secalis</i>	Bc		
<i>Mythimna albipuncta</i>	Bc, Bc 2019	Bc	
<i>Mythimna impura</i>	Bc		
<i>Mythimna pallens</i>	Bc		
<i>Mythimna oxygala</i>	Bc		

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
<i>Mythimna straminea</i>	Bc		
<i>Noctua comes</i>	Ka, Bc, As		
<i>Noctua fimbriata</i>	Bc 2019		
<i>Noctua pronuba</i>	Ka, Bc, As, Bc 2019	Ka, Bc	
<i>Ochropleura plecta</i>		Bc	
<i>Oligia latruncula</i>		Bc	
<i>Oligia strigilis</i>		Bc	
<i>Orthosia gracilis</i>	Ka		
<i>Orthosia cerasi</i>	Ka		
<i>Orthosia gothica</i>	Ka		
<i>Polyphaenis sericata</i>	Bc		
<i>Protolampra sobrina</i>		Bc	
<i>Thalpophila matura</i>	Bc		
<i>Trachea xanthographa</i>	Bc		
<i>Xestia c-nigrum</i>		As	
<i>Xestia xanthographa</i>	Bc, Bc 2019		
Fam. Notodontidae (Zahnspinner)			
<i>Thaumetopoea prozessionea</i>	Bc	Bc	
Fam. Nymphalidae			
<i>Aglais urticae</i>	Bc 2019		
Fam. Oecophoridae (Faulholzmotten)			
<i>Denisia stipella</i>		Bc	
Fam. Pyralidae (Zünsler)			
<i>Achroia grisella</i>	Bc		
<i>Aphomia sociella</i>	Bc	Bc	
<i>Endotricha flammealis</i>		Bc	
<i>Homoeosoma sinuella</i>	Bc		
<i>Synaphe punctalis</i>	Ka, Bc		
Fam. Sphingidae (Schwärmer)			
<i>Deilephila porcellus</i>	Bc		
Fam. Tortricidae (Wickler)			
<i>Celypha striana</i>	Bc		
<i>Epiblema foenella</i>	Bc		
<i>Epiblema scutulana</i>	Bc		

Beute-Taxon	Hoheim	Aresing	Bemerkungen
<i>Eucosma conterminana</i>	Bc		
<i>Pelochrista caecimaculana</i>	Ka		
O. Trichoptera			
Fam. Hydropsychidae (Wassermotten)			
<i>Parapsyche elsis</i>	Bc		
O. Neuroptera			
Fam. Chysopidae (Florfliegen)			
<i>Chrysoperla carnea</i>	Bc, As	Bc	

Durch die drei angewendeten Verfahren (Kotanalyse, Barcoding und Aufsammlung von Fraßresten im Quartier) wurden im Rahmen der vorliegenden Untersuchung für die Grauen Langohren insgesamt 143 Beutetierarten und fünf Gattungen bestimmt. Für das Quartier in Hoheim ergaben sich 123 Arten und fünf Gattungen, für das Quartier in Aresing 39 Arten.



Eine Behörde im Geschäftsbereich
Bayerisches Staatsministerium für
Umwelt und Verbraucherschutz

