

ZÜRCHER HOCHSCHULE FÜR ANGEWANDTE WISSENSCHAFTEN
DEPARTEMENT LIFE SCIENCES UND FACILITY MANAGEMENT
INSTITUT FÜR UMWELT UND NATÜRLICHE RESSOURCEN

Das Beutetierspektrum und der Jagdlebensraum des Grossen Mausohrs *Myotis myotis*

Metabarcoding-Daten aus vier Wochenstuben



Bachelorarbeit

von

Sabrina Lötscher

Bachelorstudiengang Umweltingenieurwesen 2017

Vertiefung Naturmanagement

Abgabe: 31.07.2020

Impressum

Titelbild

Parc naturel régional Oise, Orry-la-Ville, Frankreich

Schlagworte

Grosses Mausohr, *Myotis myotis*, Nahrungsspektrum, Jagdhabitat, Metabarcoding, Next Generation Sequencing

Zitiervorschlag

Lötscher, S. (2020). Das Beutetierspektrum und der Jagdlebensraum des Grossen Mausohrs *Myotis myotis* – Metabarcoding-Daten aus vier Wochenstuben. Bachelorarbeit. Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW, Wädenswil. Unveröffentlicht.

Fachkorrektoren:

Dr. Fabio Rezzonico, Forschungsgruppe Umweltgenomik und Systembiologie

Annette Stephani, Forschungsgruppe Wildtiermanagement

Prof. Dr. Theo H. M. Smits, Forschungsgruppe Umweltgenomik und Systembiologie

Institut

Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW

Life Sciences und Facility Management

Institut für Umwelt und natürliche Ressourcen IUNR

CH-8820 Wädenswil ZH

Zusammenfassung

Die Population der Grossen Mausohren (*Myotis myotis*) wird in der Schweiz auf ungefähr 30'000 Individuen geschätzt und befindet sich derzeit in einem stabilen Zustand. Aufgrund ihrer Lebensweise als Kulturfolger sind sie allerdings diversen anthropogenen Einflüssen ausgesetzt und es gilt, die Art und ihren Lebensraum auch langfristig zu erhalten. Bei der Umsetzung von Schutz- und Förderungsmassnahmen ist das Wissen über das Beutetierspektrum und den Jagdlebensraum essenziell. Obwohl bereits umfassend erforscht, wurde in der vorliegenden Arbeit erstmals mittels Metabarcoding die Nahrungszusammensetzung von Grossen Mausohren aus vier Wochenstuben ermittelt. Anhand der Klassifikation der Beutetiere in Wald- und Offenlandarten wurde ausserdem untersucht, inwiefern sich daraus eine Nutzung der Jagdlebensräume ableiten lässt. Obwohl sich auf Basis von Next Generation Sequencing-Daten keine quantitativen Aussagen machen lassen, stimmte ein Grossteil der Ergebnisse mit dem bisherigen Kenntnisstand überein.

Es konnten insgesamt 227 Beutetierarten ermittelt werden. Dabei handelte es sich ausschliesslich um Arthropoda (Gliederfüsser), deren waldbewohnenden Arten in allen Wochenstuben den Hauptbestandteil der Nahrungszusammensetzung ausmachten. Offenlandbewohnende Arten spielten hingegen nur temporär eine grössere Rolle. Somit kann bestätigt werden, dass dem Wald als Jagdlebensraum für das Grosse Mausohr eine besondere Bedeutung zukommt. Offenlandschaften werden vermutlich nur dann als Jagdlebensraum genutzt, wenn Beutetiere in grösserer Zahl darin vorkommen. Erwartungsgemäss machten Arten der Ordnung Coleoptera einen Hauptbestandteil des Nahrungsspektrums aus. Lepidoptera konnten ebenfalls häufig nachgewiesen werden, während die Orthoptera und Hymenoptera je nach Wochenstube von unterschiedlicher, aber untergeordneter Wichtigkeit waren.

Abstract

The population of the Greater mouse-eared bat (*Myotis myotis*) in Switzerland is estimated to be around 30'000 individuals and their status is currently stable. As a synanthropic species, however, they are exposed to various anthropogenic influences and it is crucial to preserve the species and its habitat in the long term. Knowledge on their prey spectrum and hunting grounds is therefore essential for implementation of conservation measures. Although already extensively researched, the present study was the first to determine the food composition of the Greater mouse-eared bat in such detail by using metabarcoding techniques. By classifying the prey species according to their preferred habitat, either forest or open land, it was also investigated if conclusions can be drawn about the use of these two hunting grounds. Although quantitative statements are difficult to make based on next generation sequencing data most results were consistent with the current state of knowledge.

A total of 227 prey species were identified. The prey was exclusively arthropods, whose forest-dwelling species formed the main part of the food composition in all studied maternity-roosts of the Greater mouse-eared bat. Prey species living in the open country only temporarily played a major role. Thus, it can be confirmed that the forest is of special importance as a hunting ground for the Greater mouse-eared bat. Most likely open landscapes are only used as a hunting ground if prey species are present in large numbers. As expected, species of the order Coleoptera were a major component of the prey spectrum. Lepidoptera were also frequently found, while Orthoptera and Hymenoptera were of varying but minor importance depending on the time of the season the sample was taken and the maternity roost.

Danksagung

Gunung Mulu National Park Borneo, 2014: Ich befinde mich im «Deer cave», Schauhöhle und Aushängeschild des Nationalparks. Weit über mir an der Decke hängen hunderte, ja tausende Fledermäuse, deren Guano sich neben dem schmalen Touristenpfad in unvorstellbaren Mengen anhäuft. Und was für ein Schauspiel, wenn die Tiere für ihren nächtlichen Beutezug beinahe gleichzeitig aus der Höhle schwärmen! Nicht im Traum wäre es mir damals in den Sinn gekommen, dass ich mich nur einige Jahre später intensiv mit Fledermäusen, ihrem Guano und ihren Nahrungsvorlieben beschäftigen würde. Was mit einer vagen Idee begonnen hat, nahm allmählich Formen an und führte schliesslich zu der hier vorliegenden Arbeit. Ich bedanke mich herzlich bei der Stiftung Fledermausschutz, insbesondere bei Elias Bader und Hubert Krättli, welche dieses Projekt durch ihre Unterstützung erst ermöglicht haben. Mein Dank gilt ausserdem Manuel Ruedi und René Güttinger, die mir mit ihrem immensen Wissensschatz wertvolle Inputs geben konnten. Für die konstruktive Kritik bedanke ich mich ausserdem bei Annette Stephani und Benjamin Sigrist von der Forschungsgruppe Wildtiermanagement an der ZHAW. Und last but not least Fabio Rezzonico und Theo Smits, die mir Tür und Tor in eine Welt geöffnet haben, welche mir vor nicht allzu langer Zeit noch ganz abstrakt erschienen ist. Ein grazie mille insbesondere an Fabio Rezzonico, der sich immer Zeit genommen hat, auch wenn er eigentlich gar keine hatte und ganz ausgezeichnete Betreuungsarbeit geleistet hat.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung.....	1
2	Methode	4
2.1	Standortauswahl und GIS-Daten	4
2.2	Kotproben – Sammlung und Lagerung	5
2.3	DNA-Extraktion.....	6
2.4	PCR und Illumina Sequencing – AIM	7
2.5	Sequenzverarbeitung – AIM.....	7
2.6	Bearbeitung der Sequenzdaten.....	7
2.7	Auswertung der Resultate	9
2.8	Ökologische Indizes.....	9
3	Resultate.....	10
3.1	Flächennutzung.....	11
3.2	Beutetierspektrum	11
3.3	Jagdlebensräume	13
3.4	Buttisholz.....	15
3.5	Flawil.....	16
3.6	Steinen	17
3.7	Veltheim	18
3.8	Saisonale Unterschiede	19
4	Diskussion.....	20
4.1	Jagdlebensräume	20
4.2	Beutetierspektrum	21
4.3	Saisonale Unterschiede	22
4.4	Bedeutung für den Fledermausschutz.....	23
4.5	Fazit.....	24
5	Literaturverzeichnis	26
	Abbildungsverzeichnis	33

Tabellen- und Formelverzeichnis	34
Anhang	35
Selbstständigkeitserklärung	46

1 Einleitung

Das Grosse Mausohr gehört mit einer Flügelspannweite von 40 Zentimetern und einem Gewicht von circa 30 Gramm zu den grössten europäischen Fledermausarten (Güttinger et al., 2006). Der Gesamtbestand in der Schweiz wird auf rund 30'000 Individuen geschätzt. Davon stammen circa 15'500 Tiere aus den 100 bisher bekannten Wochenstuben (Krättli et al., 2012), die sich aus Weibchen, ihren Jungen und einzelnen, noch nicht geschlechtsreifen Männchen zusammensetzen (Broggi, 2011). Diese Aufzuchtquartiere sind vorwiegend in grösseren Dachböden, insbesondere von Kirchen, anzutreffen (Dietz et al., 2016). Dank diverser Schutzmassnahmen gelten die meisten Populationen in der Schweiz als stabil oder weisen eine steigende Bestandeszahl auf (Krättli et al., 2012). Trotz dieser positiven Entwicklung wird das Grosse Mausohr auf der Roten Liste der bedrohten Arten als verletzlich (VU) eingestuft (Bohnenstengel et al., 2011) und gehört zu den national prioritären Arten (BAFU, 2019). Das Verschwinden von bestehenden oder potenziellen Gebäudequartieren gilt als Hauptgefährdungsursache. Hinzu kommt, dass Insektenpopulationen, die Nahrungsgrundlage des Grossen Mausohrs, aufgrund von Lebensraumverlust und dem häufigen Einsatz von Pestiziden in der Forst- und Landwirtschaft abnehmen (Sánchez-Bayo & Wyckhuys, 2019). Der Negativeinfluss von pestizid-kontaminierten Beutetieren auf Fledermäuse konnte in verschiedenen Studien belegt werden (Hofmann & Heise, 1991; Stahlschmidt & Brühl, 2012) und kann im schlimmsten Fall zum Tod der Tiere führen.

Das Grosse Mausohr jagt in Zentraleuropa bevorzugt in wüchsigen Buchenhallenwäldern unter 800 m ü. M. mit wenig oder fehlender Bodenvegetation, nutzt aber auch Kulturlandflächen wie beispielsweise Wiesen, Weiden und Obstplantagen als Jagdlebensraum (Drescher, 2004; Güttinger et al., 2006). Meist bewegen sich die Tiere bei der Nahrungssuche in einem Umkreis von 5 – 15 km um das Quartier, selten bis zu 26 km (Dietz et al., 2016). Dabei ist für das Grosse Mausohr die Zugänglichkeit zu bodenbewohnenden Beutetieren entscheidend (Arlettaz, 1996, 1999) und es wird vermutet, dass sich die Art aufgrund der Intensivierung der Landwirtschaft vermehrt auf die Jagd im Wald spezialisiert hat (Graf et al., 1992).

Bei der Suche nach Nahrung fliegt das Grosse Mausohr 1–2 Meter (Dietz et al., 2016) über vegetationsarme Bodenoberflächen und lokalisiert die Beutetiere über deren Krabbelgeräusche (Graclik & Wasielewski, 2012; Siemers & Güttinger, 2006). Das Beutetier wird mit den Flügeln bedeckt und ergriffen, wobei der gut ausgeprägte Geruchssinn bei der Nahortung vermutlich eine grosse Rolle spielt (Dietz et al., 2016). Es wird von einer

Spezialisierung auf bodenlebende Insekten und eine selektive Bevorzugung grosser Beutetiere ausgegangen (Graf et al., 1992; Kolb, 1958). Dies kann einerseits dadurch erklärt werden, dass grössere Beutetiere im Verhältnis zum Jagdaufwand mehr Energie liefern (Pereira et al., 2002) und andererseits grosse Insekten mehr Geräusche verursachen und dadurch einfacher aufzuspüren sind (Siemers & Güttinger, 2006).

In Fledermausguano konnten in früheren Studien Coleoptera (Käfer), Orthoptera (Heuschrecken), Diptera (Zweiflügler), Arachnida (Spinnentiere), Lepidoptera (Schmetterlinge) und Chilopoda (Hundertfüsser) nachgewiesen werden (Graclik & Wasielewski, 2012; Graf et al., 1992; Kolb, 1958). Das sporadische Vorhandensein von Insekten der Ordnungen Dermaptera (Ohrwürmer), Hymenoptera (Hautflügler) und Hemiptera (Schnabelkerfen) ist ebenfalls dokumentiert (Beck, 1995). Bei der wichtigsten Beutekategorie handelt es sich um Coleoptera, darunter insbesondere die Familie der Carabidae (Laufkäfer). Deren waldbewohnenden Arten der Gattungen *Carabus* und *Ptersostichus* machen den Hauptbestandteil der Nahrung des Grossen Mausohrs aus (Audet, 1990; Zahn et al., 2005). Die Nahrungszusammensetzung kann im Jahresverlauf erheblich variieren. So können beispielsweise Maikäfer während Hauptflugjahren die Nahrung temporär dominieren (Broggi, 2011). Weiter stellte Kolb (1958) fest, dass Carabidae während des ganzen Jahrs in Fledermausguano zu finden sind, ihr prozentualer Anteil jedoch zurückgeht, umso mehr andere Beutetiere vorhanden sind. Schwankungen in der Nahrungszusammensetzung sind also wahrscheinlich auf die saisonale Verfügbarkeit von Beuteinsekten zurückzuführen (Graf et al., 1992; Güttinger et al., 2006). Es ist anzunehmen, dass sich dies auch in der Nutzung der Jagdlebensräume widerspiegelt. Die Grossen Mausohren der Wochenstube Flawil jagen während der ersten Sommerhälfte vorwiegend in Wäldern, während in der zweiten Sommerhälfte häufiger Offenlandflächen als Jagdlebensraum genutzt werden (Güttinger, 1997).

Wie sich das Beutetierspektrum des Grossen Mausohrs zusammensetzt, konnte bereits früher durch morphologische Untersuchungen von Fledermausguano ermittelt werden. Dabei wird der Guano auf unverdaute Überreste von Arthropodenfragmenten untersucht. Eine Zuordnung dieser Fragmente ist meist aber nur auf Ordnungs- oder Familienebene möglich und bedarf vertiefter Kenntnisse in der Entomologie (Zeale et al., 2011). Inzwischen lassen sich mittels molekularbiologischen Identifizierungsmethoden wie Next Generation Sequencing solche Analysen durchführen, ohne Beutetiere morphologisch bestimmen zu müssen (Galan et al., 2018). Sie ermöglichen nicht nur eine höhere taxonomische Auflösung, sondern können auch effizient und kostengünstig durchgeführt werden. Obwohl das Nahrungsspektrum und die

Lebensraumnutzung des grossen Mausohrs bereits umfassend erforscht sind, wurde bisher noch keine Studie mit derart detaillierter taxonomischer Auflösung der Beutetiere publiziert. Desto mehr Kenntnisse über die Biologie des Grossen Mausohrs vorhanden sind, umso effektiver kann der Artenschutz praktiziert und die Populationen langfristig geschützt werden.

In der vorliegenden Arbeit wurde das Nahrungsspektrum von vier Wochenstuben des Grossen Mausohrs mittels Next Generation Sequencing untersucht. Ziel dieser Untersuchung war:

- (a) festzustellen, inwiefern das Nahrungsspektrum des Grossen Mausohrs von der Grösse des umliegenden Waldes beziehungsweise der Offenlandfläche beeinflusst wird;
- (b) zu prüfen, ob es saisonale Unterschiede bei der Nahrungszusammensetzung gibt;
- (c) zu vergleichen, ob die Ergebnisse bezüglich Lebensraumnutzung und Beutetierspektrum mit bisherigen Erkenntnissen übereinstimmen

2 Methode

2.1 Standortauswahl und GIS-Daten

Die vier untersuchten Wochenstuben wurden unter Berücksichtigung ihrer Zugänglichkeit und der umliegenden Wald- und Landwirtschaftsflächen ausgewählt. Um die Flächen innerhalb des Jagdradius gemäss ihrer Nutzung detaillierter einteilen zu können, wurde die Karte «Arealstatistik 2004/09 Bodennutzung» (Bundesamt für Statistik, 2013) verwendet. Über die Bufferfunktion in der Software ArcGISPro 2.5.2 (ESRI Inc., 2020) konnten die Bodennutzungsdaten innerhalb eines vorgegebenen Radius von 14 km abgerufen und in Flächen umgerechnet werden. Dazu wurden in einem ersten Schritt die Hauptbereiche (Siedlung, Landwirtschaft, Bestockung, Unproduktiv) und in einem zweiten Schritt die Grundkategorien für eine präzisere Flächeneinteilung ermittelt (Bundesamt für Statistik, 2017). Dies ermöglichte eine detailliertere Auflösung der Landwirtschaftsflächen, von denen lediglich Naturwiesen und Heimweiden in der Talzone als potenzielle Jagdlebensräume definiert wurden. Sie werden innerhalb dieser Arbeit als Offenlandflächen bezeichnet und schliessen Ackerlandflächen und übrige Landwirtschaftsflächen (Reb- und Gartenbau sowie Flächen der Alpwirtschaft) aus.

Tabelle 1: Detailangaben zu den untersuchten Wochenstuben des Grossen Mausohrs.

	Buttisholz	Flawil	Steinen	Veltheim
Kanton	LU	SG	SZ	AG
Population	600	270	140	1000
m ü. M.	594	583	477	378
Entwicklung	Stabil	Abnehmend	Abnehmend	Stabil
Mischproben	14	7	7	13
Zeitraum	13.05 – 22.08.19	08.06 – 23.08.19	24.05. – 24.07.19	10.06 – 01.09.19

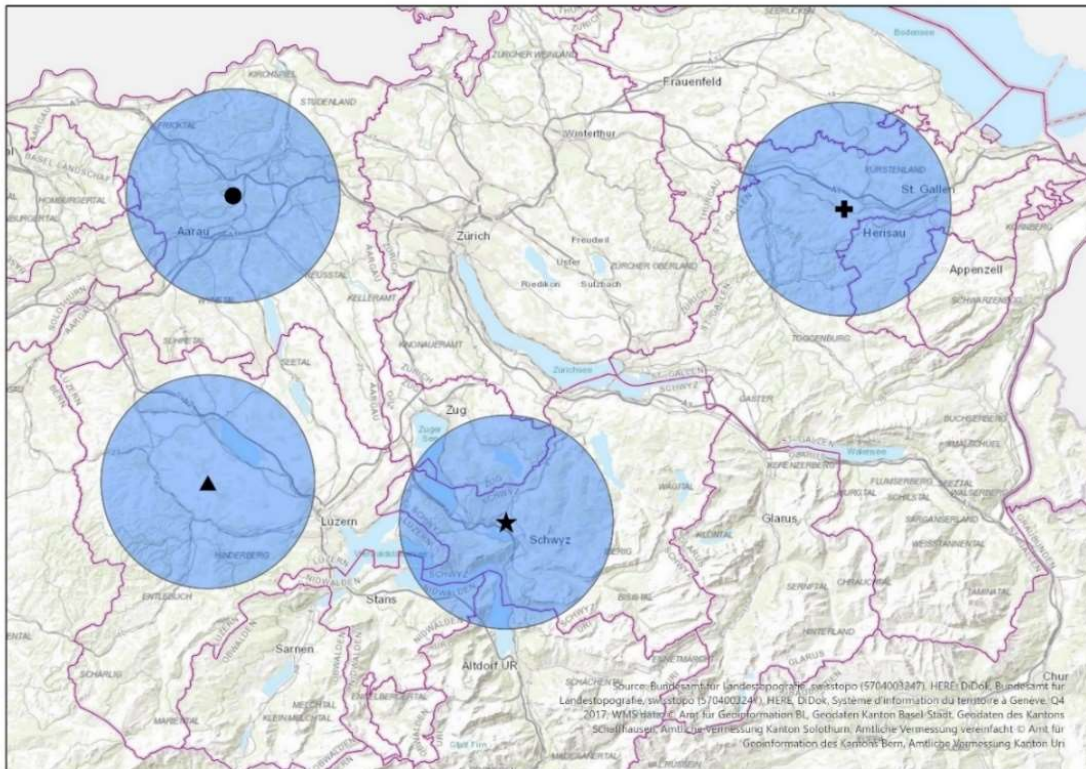


Abbildung 1: Die Standorte der untersuchten Wochenstuben und der untersuchte Jagdradius von 14 km.
 ▲ = Buttisholz; + = Flawil; ★ = Steinen; ● = Veltheim

2.2 Kotproben – Sammlung und Lagerung

Die Kotproben wurden zwischen Mitte Mai und Ende August 2019 in einem Abstand von jeweils ein bis zwei Wochen durch die jeweiligen Quartierbetreuer gesammelt (siehe Anhang A). Dazu wurde in vier Wochenstuben des Grossen Mausohrs Abdeckfolie aus Plastik (HDPE – für Renovationen und Reinigungsarbeiten) unterlegt und nach jeder Probenahme durch eine neue Folie ersetzt. Pro Probenahme wurden acht Mikroreaktionsgefässe (2 ml) zu einer Hälfte mit mehreren, möglichst frischen Kotpellets, und zur anderen Hälfte mit 97-prozentigem Ethanol (EtOH) gefüllt. Das Ethanol wirkt dem natürlichen Zersetzungsprozess der DNA entgegen (Goossens & Bruford, 2009) und wurde mit einer Plastikpipette hinzugegeben. Um Kontaminationen des Probematerials zu vermeiden, wurden Einweghandschuhe aus Nitril und jeweils frische Plastikpipetten verwendet. Die mit Datum und Ort versehenen Mikroreaktionsgefässe wurden bei -20°C in Kryoboxen gelagert.

2.3 DNA-Extraktion

Vor der DNA-Extraktion wurden 15 – 20 Kotpellets vermischt und mit einem Laborspatel zerkleinert. Anschliessend konnte das Ethanol abgetropft und die Proben getrocknet werden, bis die Ethanolrückstände vollständig verdunstet waren. Pro Mischprobe wurden 15–20 mg für die DNA-Extraktion verwendet. Die DNA-Extraktion wurde mit dem Fast DNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals) dem Protokoll entsprechend durchgeführt (MP Biomedicals, 2019). Die DNA-Menge wurde mittels Absorption (Spektrometer Quawell) bei 260 nm gemessen und für die Bestimmung der Qualität die 260/230 und 260/280 Ratios überprüft (Ramón-Laca et al., 2015). Um zu testen, ob sich die DNA während dem PCR-Prozess amplifizieren lässt, wurde bei allen Proben ein PCR-Durchlauf ausgeführt. Folgende Reagenzien und Mengen wurden pro Probe verwendet: 10 µl zweifach konzentriertes KAPA robust, 1 µl von 10 µM Vorwärtsprimer, 1 µl von 10 µM Rückwärtsprimer, 7 µl steriles Wasser und 1 µl extrahierte DNA. Die Basenabfolge des verwendeten Primer-Sets ist in Abbildung 2 ersichtlich. Das Temperaturprofil während dem PCR-Verfahren wurde auf die verwendete Polymerase (KAPA robust) angepasst:

- 2': 94°C
- 5x [30'': 94°C – 40'': 52°C – 1': 72°C]
- 35x [30'': 94°C – 40'': 55°C – 1': 72°C]
- 10': 72°C

Anschliessend konnte mittels Agarose-Gelelektrophorese überprüft werden, ob die DNA-Amplifikation mit den verwendeten Primer erfolgreich war. Das Gel wurde mit Agarose-Pulver (1.5%) und GelRed in 1x TAE (Tris-Acetate-EDTA) zubereitet. Nach erfolgreicher Durchführung wurde die extrahierte DNA für die Sequenzierung an das Labor AIM GmbH in München geschickt.

dgLco	5' - GGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC - 3'
mICoIntF	5' - TAAACTTCAGGGGTGACCAAARAAYCA - 3'

Abbildung 2: Die COI Primer, die für die PCR-Reaktion verwendet wurden aus Leray et al. 2013.

2.4 PCR und Illumina Sequencing – AIM

Eine erste PCR-Reaktion fand mit dem MyTaq™ Plant-PCR Kit (Bioline GmbH) mit Illumina-fertigen Fusion-Primer statt (Leray et al., 2013). Der Amplifikationserfolg und die Fragmentlänge wurden mittels Gelelektrophorese in einem 1%igen TAE-Gel unter Verwendung von GelRed (Genaxxon bioscience GmbH, Ulm, Deutschland) überprüft. Die amplifizierte DNA wurde mittels Natrium Acetat/Ethanol Fällung gereinigt und jede Probe in 50 µL molekularem Wasser resuspendiert, bevor sie weiterverarbeitet wurde.

Die DNA-Konzentrationen wurden mit einem Fluorsokan-Plattenlesegerät (Life Technologies) unter Verwendung der Chemikalien des Qubit Fluorometers dsHS (Life Technologies, Carlsbad, USA) gemessen und die Proben zu Pools mit äquimolaren Konzentrationen von jeweils 100 ng zusammengefasst. Sogenannte Library pools, bestehend aus DNA-Fragmenten, wurden mit Hilfe von NGS-Magnetbeads (MagSi-NGSPrep Plus, Magtivio) für Downstream-Sequenzierungsanwendungen gereinigt und ihrer Grösse entsprechend sortiert. Die Sequenzierung wurde anschliessend auf einem Illumina MiSeq durchgeführt.

2.5 Sequenzverarbeitung – AIM

FASTQ-Dateien wurden miteinander kombiniert und die Sequenzverarbeitung mit den Programmen Suite VSEARCH v2.4.3 (Rognes et al., 2016) und cutadapt v1.14 (Martin, 2011) durchgeführt. Bei allen sequenzierten Proben war die DNA-Qualität hoch genug, um ein Zusammenfügen der DNA-Stränge zu ermöglichen. Die Sequenzen wurden anschliessend mittels dem Programm BLAST auf der Datenbank BOLD abgeglichen. Um die Anzahl an Treffer von Arten, welche in Europa nicht vorkommen, zu reduzieren, wurden bloss Daten aus BOLD berücksichtigt, die mitteleuropäischen Ursprungs sind. Des Weiteren wurden nur Arten für die Analyse berücksichtigt, deren DNA zu mindestens 97% mit der Referenz übereinstimmten und deren Sequenzlänge mindestens 200 Basenpaaren betrug.

2.6 Bearbeitung der Sequenzdaten

Um zu untersuchen, ob sich durch saisonale Variationen im Beutetierspektrum gewisse Muster bei der Nutzung der Jagdlebensräume ableiten lassen, wurden alle Beutetierarten gemäss ihres bevorzugten Lebensraumes klassifiziert (kein bevorzugtes Habitat oder unbekannt, bevorzugt Offenland, bevorzugt Wald). Die Einteilung wurde mit Hilfe von Informationsplattformen auf dem Internet vorgenommen (Arbeitskreis Entomologie, 2020; Funk, 2007; NatureSpot, 2020). Bei den Coleoptera wurde die Einteilung ausserdem von einem Experten des Fachgebiets, Dr. Alexander Szailles (ZHAW Life Sciences and Facility Management), überprüft und ergänzt. Arten, deren Lebensweise darauf schliessen lässt, dass

sie in Dachböden vorkommen könnten, Fledermausguano als Eiablageort nutzen oder sich parasitär von diesen Eiern oder anderen Beuteinsekten ernähren, wurden von der weiteren Analyse ausgeschlossen. Dazu gehörten vorwiegend Arten der Ordnungen Diptera und Hymenoptera. Ebenfalls nicht berücksichtigt wurden Arten der Ordnung Mollusca und Haplotaxida. In ähnlichen Studien mit Fledermäusen wurde davon ausgegangen, dass sie indirekt aufgenommen wurden, es sich also um die Beutetiere von Beutetieren handelt, und entsprechend als sekundäre Beutetiere klassifiziert (Andriollo et al., 2019; Galan et al., 2018).

Um eine Übergewichtung von seltenen Beutetierarten zu vermeiden, wurden Arten, die innerhalb einer Stichprobe mit weniger als 8 Reads vertreten waren, nicht in die statistische Auswertung integriert (Galan et al., 2018). Da von einer selektiven Bevorzugung von grossen Beutetieren ausgegangen wird (Graf et al., 1992), wurden nur Arten für die Statistik berücksichtigt, welche mindestens 10 mm gross werden beziehungsweise deren Flügelspannweite mindestens 20 mm beträgt (Lepidoptera).

Es wurde einerseits ausgewertet, wie oft eine Art in den 41 Mischproben vorgekommen ist (frequency of occurrence) und andererseits, wie hoch eine Art innerhalb einer Mischprobe gewichtet werden konnte (weighted percent of occurrence) (Deagle et al., 2019) (Formel 1).

FOO_i = Frequency of occurrence

$wPOO_i$ = Weighted percent of occurrence

T = Anzahl Beutetiere in einzelner Probe

S = Anzahl Proben

$I_{i,k}$ = 1 falls Art in Mischprobe vorhanden,
0 falls nicht vorhanden

$$\%FOO_i = \frac{1}{S} \sum_{k=1}^S I_{i,k} \times 100\%$$

$$wPOO_i = \frac{1}{S} \sum_{k=1}^S \frac{I_{i,k}}{\sum_{i=1}^T I_{i,k}}$$

Formel 1: Die verwendeten Formeln aus Deagle et. al (2019).

2.7 Auswertung der Resultate

Alle statistischen Auswertungen wurden mit der Software R 4.0.1 (R Core Team, 2020) und past 4.03 (Hammer et al., 2001) durchgeführt. Die Normalverteilung wurde mit dem Shapiro-Test und die Varianzhomogenität mit dem F-Test überprüft. Mit dem ANOVA-Test konnte festgestellt werden, ob sich die Nahrungszusammensetzung der vier Wochenstuben auf Ordnungsniveau signifikant voneinander unterscheidet.

2.8 Ökologische Indizes

Die Alpha-Diversität wurde mit dem Shannon's Index berechnet (Formel 2) (Shannon, 1948) und jeweils pro Mischprobe auf Artniveau angewandt. In der Regel werden für den Shannon Index unter Anwendung des ln Werte zwischen 0 bis 3.5 erwartet. Um das Beutespektrum der Wochenstuben miteinander vergleichen zu können, wurde die Beta-Diversität gemäss Whittaker (1972) berechnet.

H = Shannon Index

p_i = Anteil der Spezies i an der Gesamtzahl N

N = Anzahl Individuen einer Population

n_i = Anzahl Individuen einer Spezies

$$H = - \sum_i p_i \times \ln p_i$$

$$p_i = \frac{n_i}{N}$$

Formel 2: Die verwendete Formel für die Berechnung des Shannon Index.

3 Resultate

Insgesamt konnten bei der Sequenzierung 975 Taxa (835'738 Reads) mit einer Übereinstimmung von mindestens 97% identifiziert werden. Darunter gab es 227 (64'888) Beutetierarten, bei denen die in der Methode erwähnten Kriterien zutrafen (siehe Anhang B). Daneben weisen diverse Stichproben die DNA von anderen Fledermausarten auf. Dazu gehören die Zwergfledermaus (*Pipistrellus pipistrellus*), die Wasserfledermaus (*Myotis daubentonii*) und das Braune Langohr (*Plecotus auritus*) (siehe Anhang C). Bei 11 Mischproben war keine DNA-Sequenzierung durch das ausführende Labor AIM (Advanced Identification Methods) möglich. Deshalb wurde die Original-DNA dieser 11 Proben in unverdünnter Form nochmals eingeschickt und die Sequenzierung wiederholt. Bei der Wiederholung war die Analyse erfolgreich und der Nachweis an Beutetierarten war im Vergleich sogar höher als in den Proben, deren DNA im vorherigen Durchlauf sequenziert werden konnte. In der Abbildung 3 zeigt die sogenannte «Rarefaction curve», dass die Anzahl nachgewiesener Arten mit zunehmender Anzahl Proben stetig gestiegen ist und

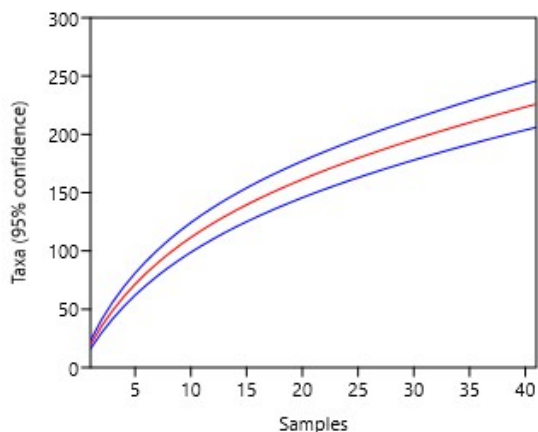


Abbildung 3: Mit der "Rarefaction curve" lässt sich überprüfen, ob die Stichprobenanzahl ausreichend war, um das gesamte Beutespektrum zu ermitteln.

3.1 Flächennutzung

In einem Radius von 14 km ist der Waldanteil in Steinen (40.5%) und Veltheim (38.5%) am grössten, während dieser in Buttisholz (23%) und Flawil (25%) um einiges geringer ist (Abbildung 4). Umgekehrt liegt der Anteil Offenlandflächen in Buttisholz (36%) und Flawil (51%) deutlich höher als in Steinen (25%) und Veltheim (16%). Die Ackerlandfläche beträgt in Buttisholz (24%) und Veltheim (23%) ein Vielfaches der Ackerlandfläche in Steinen (0.5%) und Flawil (6%).

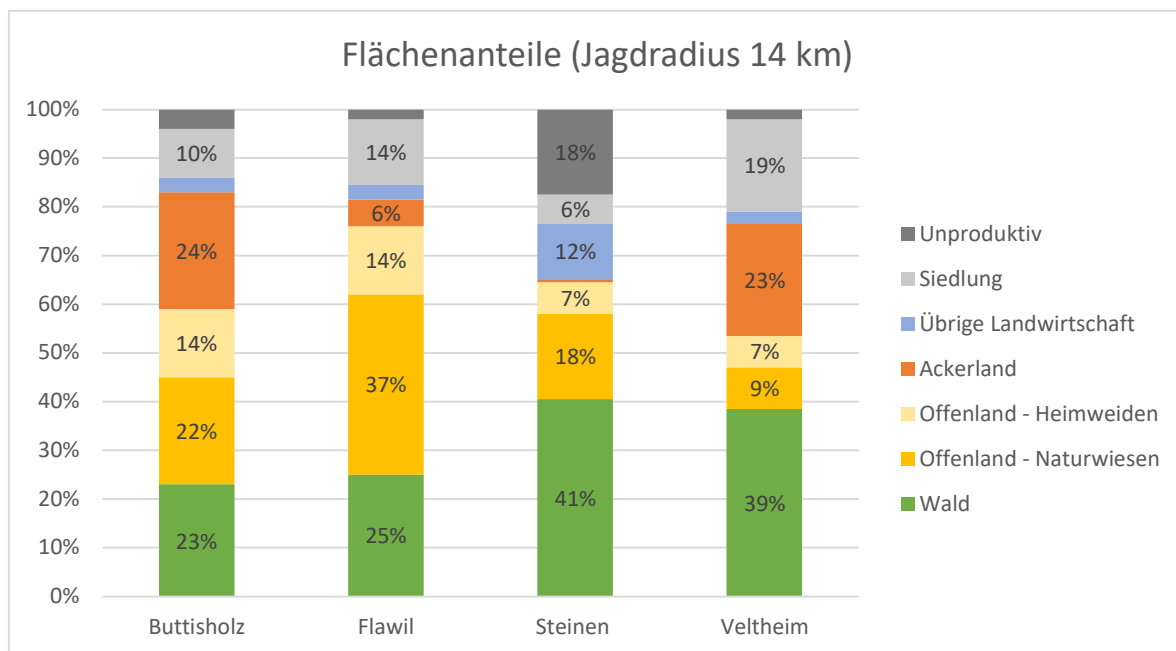


Abbildung 4: Die Flächenanteile jeder untersuchten Wochenstube innerhalb eines Radius von 14 km.

3.2 Beutetierspektrum

In allen Wochenstuben macht die Ordnung der Coleoptera einen wesentlichen Teil der Nahrung aus (Abbildung 5). Innerhalb der Coleoptera ist eine Präferenz für Carabidae festzustellen. Cerambycidae, Elateridae und Oedemeridae sind je nach Wochenstube unterschiedlich stark vertreten, spielen aber eine wesentlich geringere Rolle als die Carabidae (Abbildung 6). Arten der Lepidoptera konnten ebenfalls häufig nachgewiesen werden. Der Anteil an Orthoptera, beziehungsweise Hymenoptera variierte je nach Standort stark.

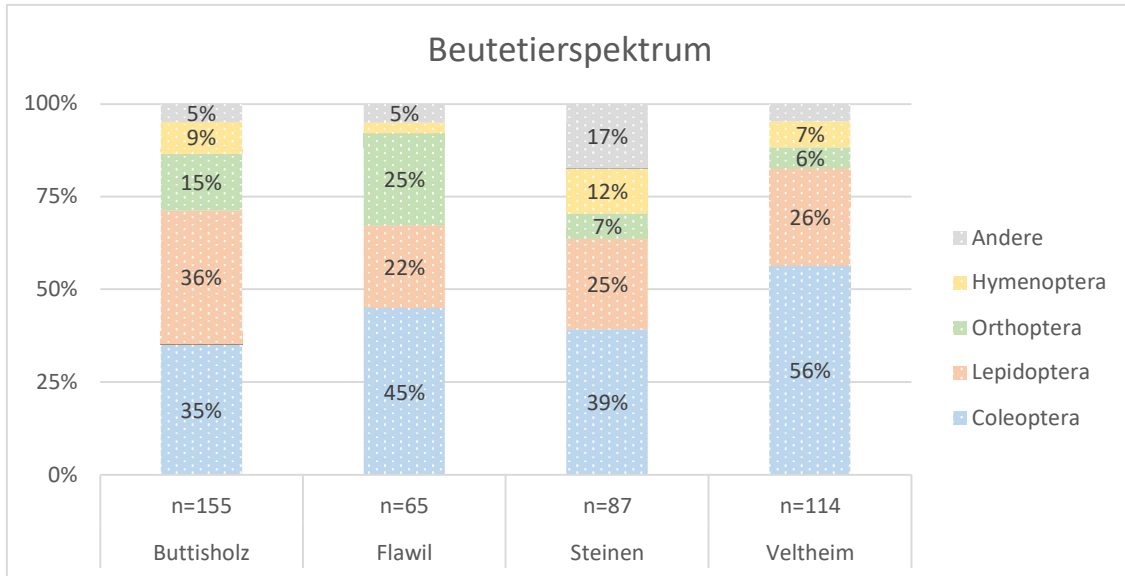


Abbildung 5: Das Beutetierspektrum aller vier Wochenstuben im Überblick sortiert nach Ordnung. Bei allen Angaben handelt es sich um relative Anteile. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten.

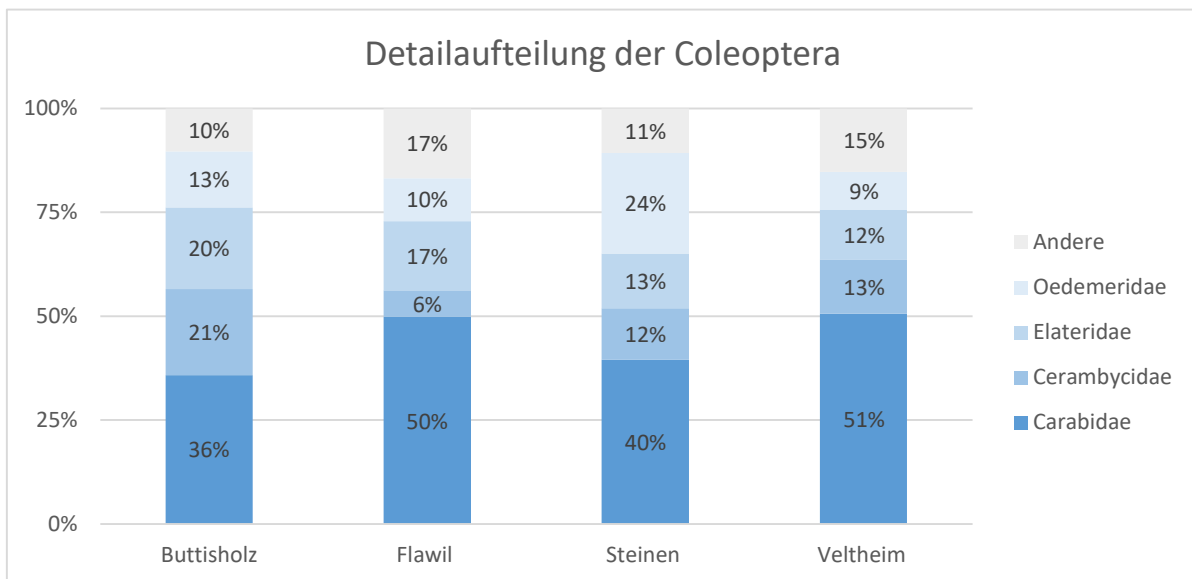


Abbildung 6: Die Ordnung der Coleoptera noch detaillierter aufgeteilt nach Familienzugehörigkeit.

3.3 Jagdlebensräume

In Abbildung 7 ist die Habitataufteilung der Beutetierarten pro Wochenstube in Prozent dargestellt. Waldbewohnende Beutetierarten machen in allen vier Wochenstuben den Hauptbestandteil des Nahrungsspektrums aus. Bei den Offenlandarten schwankt der Anteil zwischen 22% und 32%. Arten, welche nicht an ein Habitat gebunden sind oder deren Präferenz nicht bekannt ist, sind mit 15% bis 24% relativ häufig.

Der Anteil an Waldarten steigt mit zunehmender Waldbedeckung. Ebenso verhält es sich mit dem Anteil Offenlandarten und der Offenlandfläche (Abbildungen 8 und 9). Zu berücksichtigen ist die unterschiedliche Anzahl an Stichproben pro Wochenstube (Buttisholz = 14, Flawil = 7, Steinen = 7, Veltheim = 13) und der Probenahmezeitraum, der bei dem Standort Steinen nur bis Ende Juli statt bis Ende August reichte. Der ANOVA-Test ergab, dass es zwischen den Wochenstuben keine signifikanten Unterschiede bei der Nutzung des Beutespektrums gibt (siehe Anhang D).

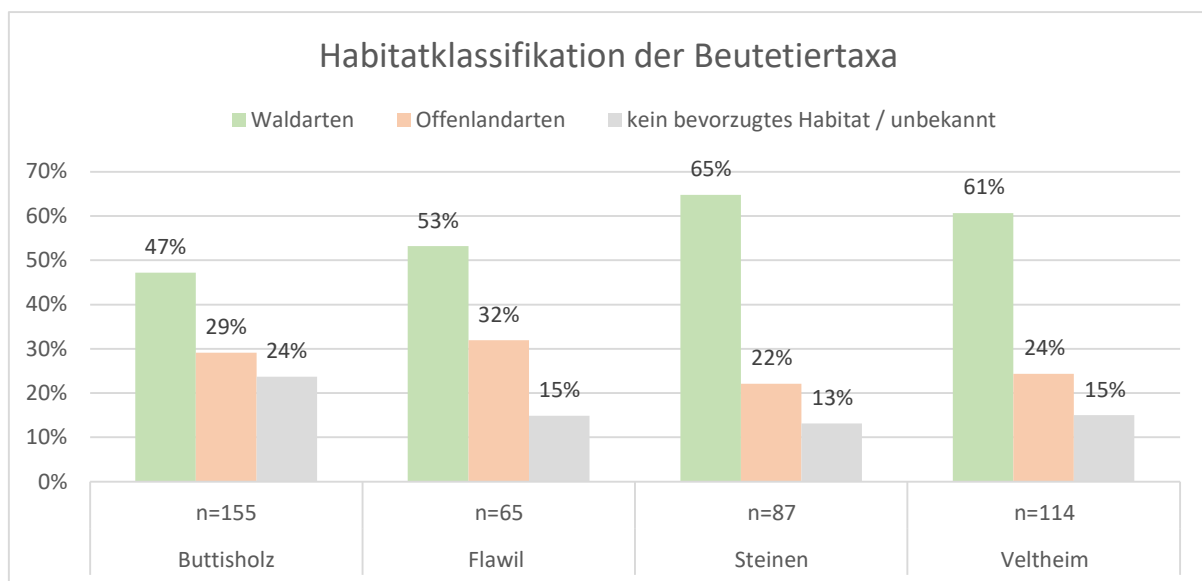


Abbildung 7: Die Habitatklassifikation der Beutetiartaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Wochenstube. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten.

Waldflächen & relativer Anteil Waldarten

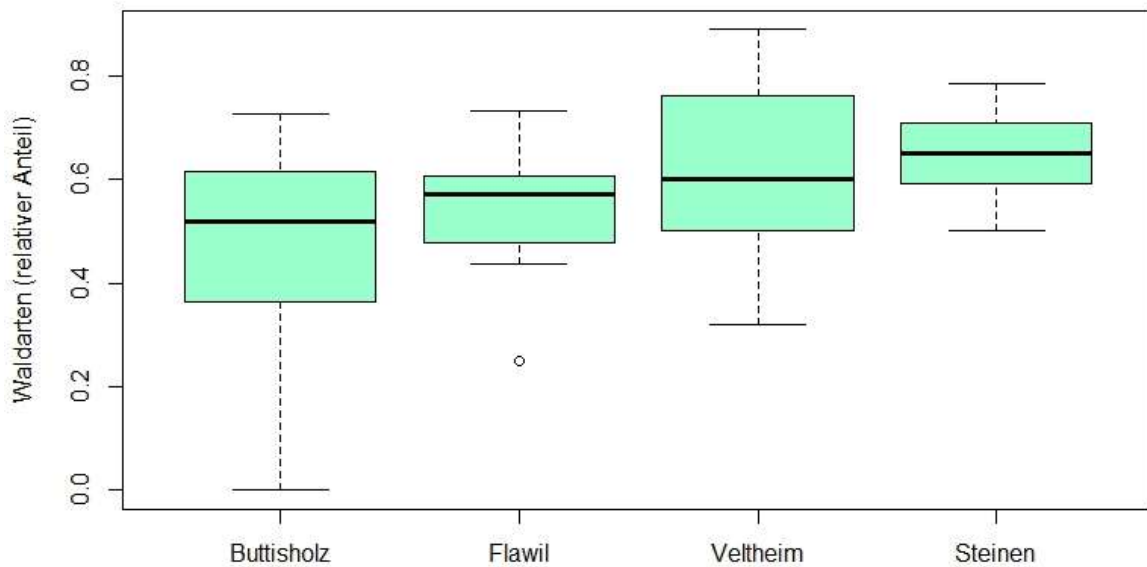


Abbildung 8: Die Boxplots sollen den Zusammenhang zwischen den Flächen und dem relativen Anteil der Beutetiergruppe aufzeigen. Die Anordnung der Wochenstuben bezieht sich auf die Grösse der untersuchten Flächen. Aussen links ist die Wochenstube mit der geringsten Waldfläche, aussen rechts die Wochenstube mit der grössten Waldfläche.

Offenlandflächen & relativer Anteil Offenlandarten

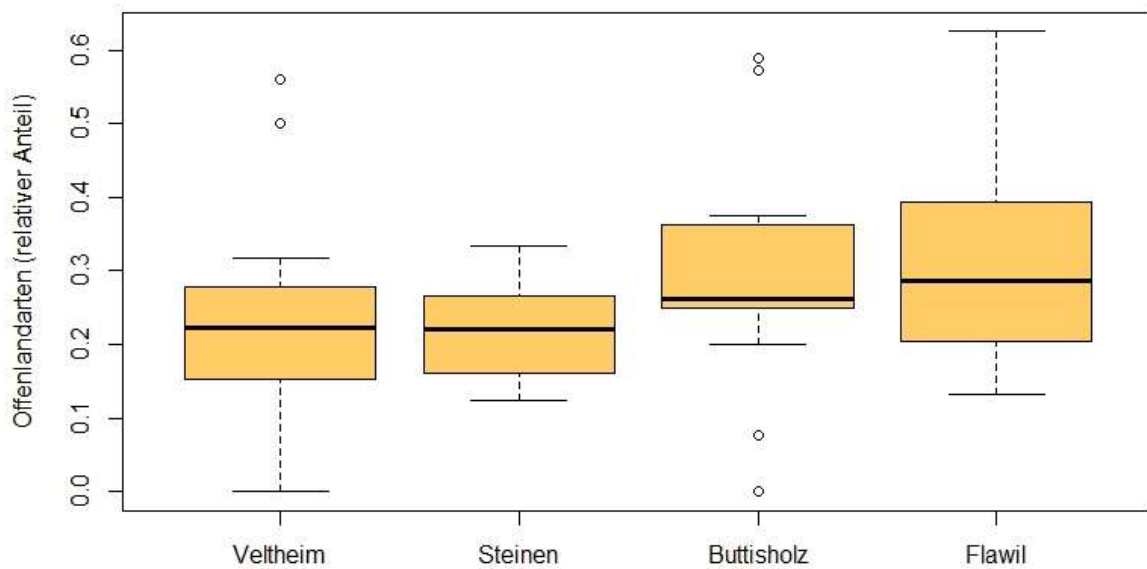


Abbildung 9: Die Boxplots sollen den Zusammenhang zwischen den Flächen und dem relativen Anteil der Beutetiergruppe aufzeigen. Die Anordnung der Wochenstuben bezieht sich auf die Grösse der untersuchten Flächen. Aussen links ist die Wochenstube mit der geringsten Offenlandfläche, aussen rechts die Wochenstube mit der grössten Offenlandfläche.

3.4 Buttisholz

In Buttisholz ist über den ganzen Untersuchungszeitraum eine Bevorzugung von Waldarten festzustellen (Abbildung 10). Einzig zwei Stichproben weisen einen grösseren Anteil an Offenlandarten auf. Stichproben mit einem hohen Artenanteil, der nicht an ein Habitat gebunden ist, können allerdings nur bedingt die tatsächliche Nutzung des Jagdlebensraumes widerspiegeln. Bei den präferierten Beutetieren handelt es sich in Buttisholz um Arten der Ordnungen Coleoptera und Lepidoptera. Orthoptera sind zu Beginn und Ende des Probenahmezeitraums stärker vertreten, während die Hymenoptera über den ganzen Zeitraum eine untergeordnete Rolle spielen (Abbildung 11).

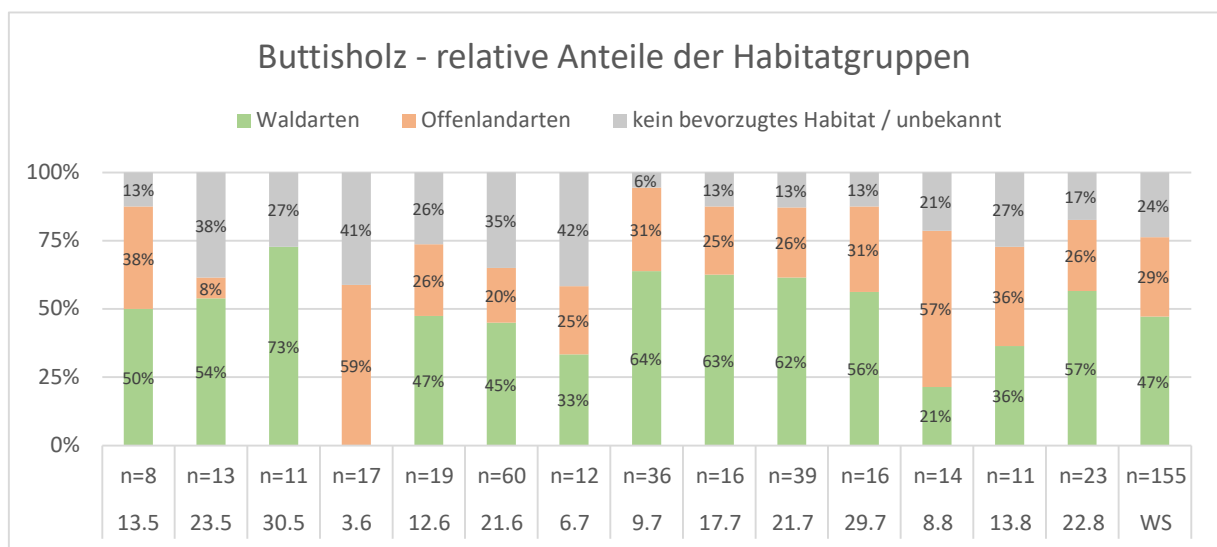


Abbildung 10: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.

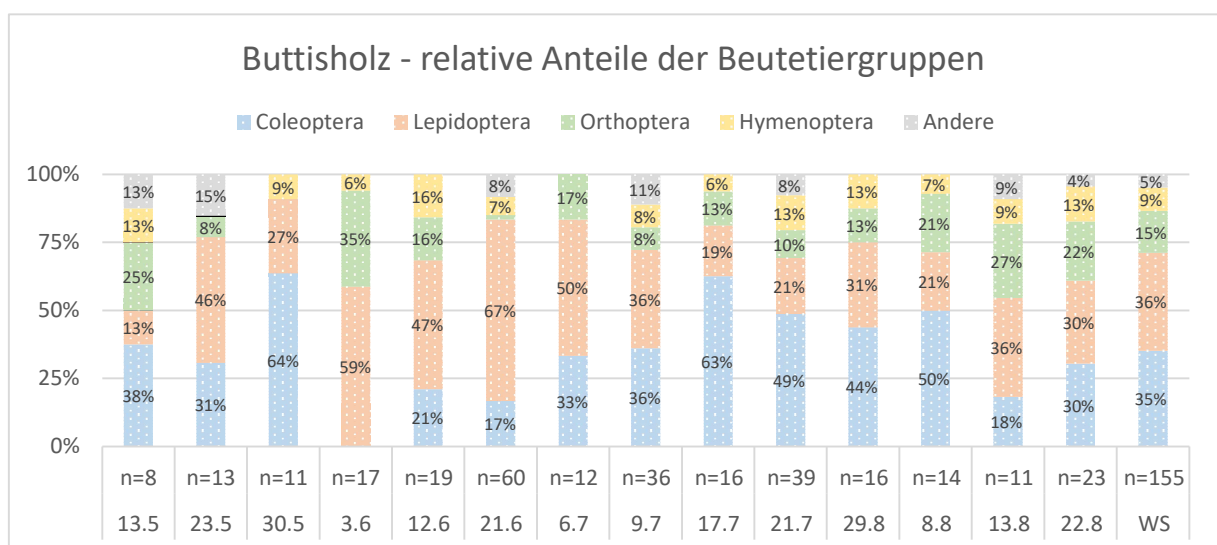


Abbildung 11: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.

3.5 Flawil

In Flawil ist mit Ausnahme von zwei Stichproben durchgehend eine Bevorzugung von Waldarten festzustellen (Abbildung 12). In der zweiten Sommerhälfte nehmen die Offenlandarten deutlich zu. Beutetiere, welche nicht an ein Habitat gebunden sind, machen insgesamt einen geringen Prozentsatz des Nahrungsspektrums aus. Die meisten Beutetiere gehören zu den Coleoptera. Saisonal scheinen die Lepidoptera und Orthoptera ebenfalls einen wichtigen Teil des Nahrungsspektrums auszumachen, während Hymenoptera nicht von Relevanz sind (Abbildung 13).

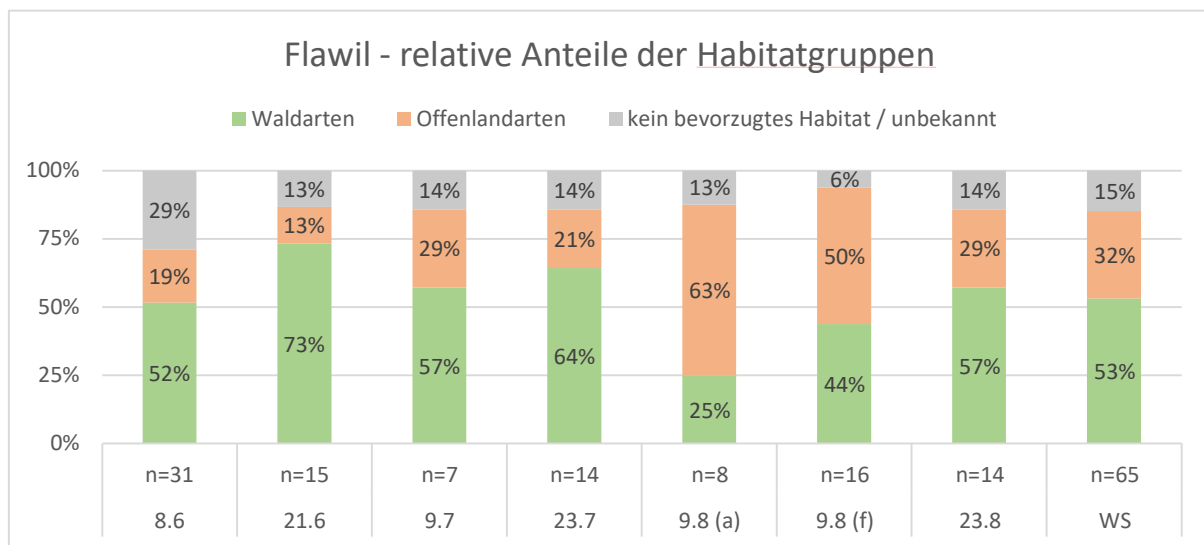


Abbildung 12: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobendatum. Am 9.8 wurden zwei Stichproben genommen, da die Grossen Mausohren ihren Hangplatz gewechselt haben («a» = alt, «f» = frisch). «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.

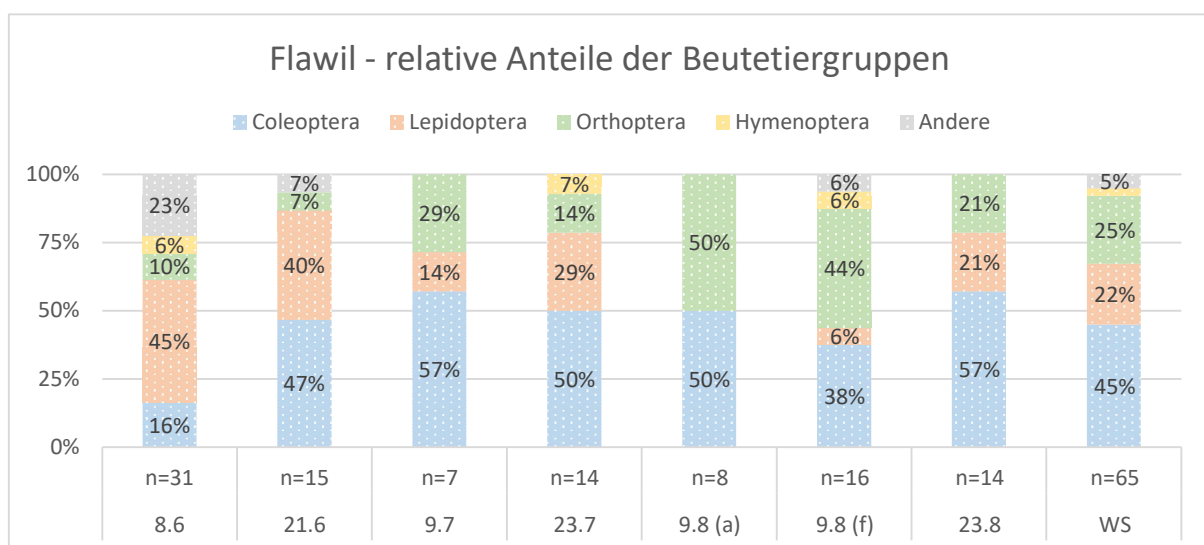


Abbildung 13: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobendatum. Am 9.8 wurden zwei Stichproben genommen, da die Grossen Mausohren ihren Hangplatz gewechselt haben («a» = alt, «f» = frisch). «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.

3.6 Steinen

In Steinen sind Waldarten in allen Stichproben dominant vertreten (Abbildung 14). Bei der Stichprobe vom 17. Juli konnten nur drei Arten nachgewiesen werden, weshalb die Aussagekraft gering ist und die Werte für die Berechnung des Durchschnitts nicht berücksichtigt wurden. Ausserdem ist zu beachten, dass der Probenahmezeitraum nicht bis Ende August, sondern bloss bis Ende Juli reicht. Coleoptera und Lepidoptera sind am stärksten vertreten. Im Vergleich zu den anderen Wochenstuben, scheinen die Hymenoptera eine grössere Rolle zu spielen. Orthoptera sind mit maximal 11% und im Vergleich mit den anderen Wochenstuben unterrepräsentiert (Abbildung 15).

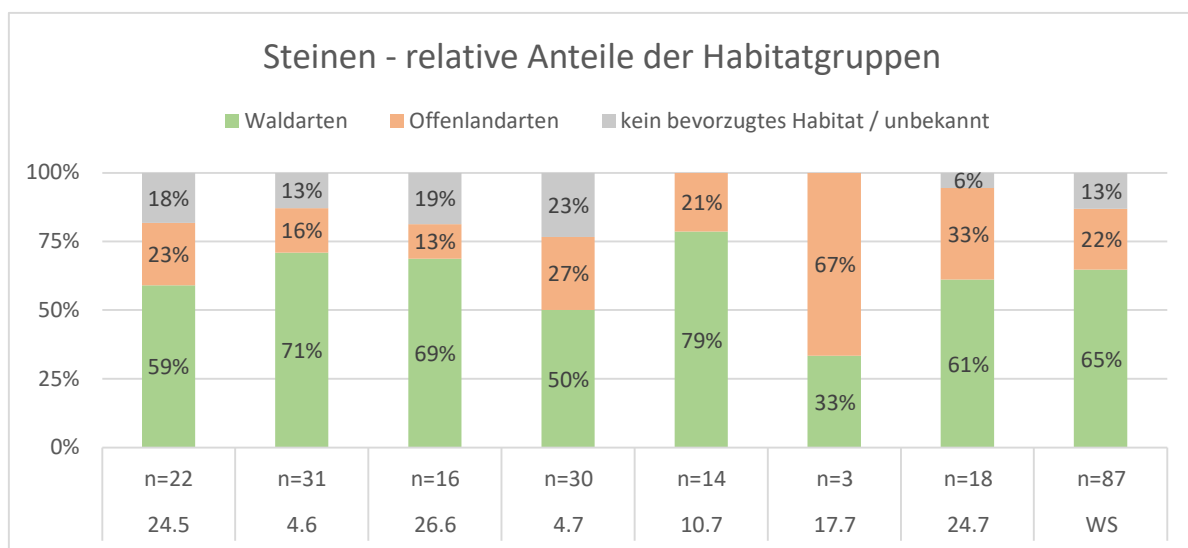


Abbildung 14: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.

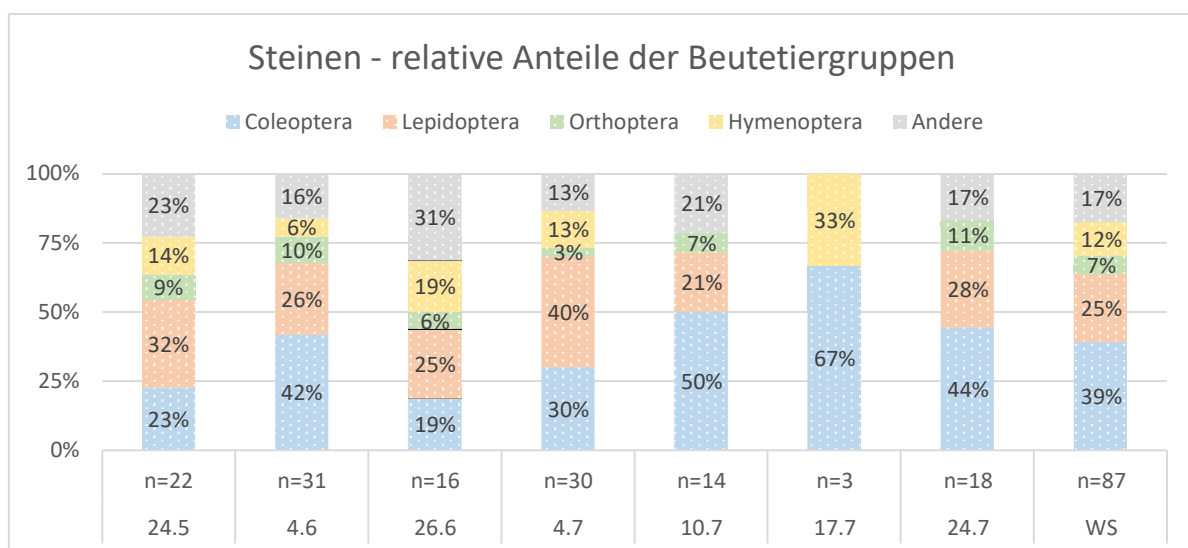


Abbildung 15: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.

3.7 Veltheim

In Veltheim ist eine starke Bevorzugung von Waldarten festzustellen (Abbildung 16). Offenlandarten dominieren nur in einzelnen Stichproben. Coleoptera sind mit einer Ausnahme mit mindestens 40% vertreten und machen somit den Hauptbestandteil der Nahrung aus. Hymenoptera sind in zwei Stichproben zu Beginn und Ende des Probenahmezeitraums vermehrt vertreten. Orthoptera tauchen lediglich in einzelnen Stichproben mit einem höheren Anteil auf (Abbildung 17).

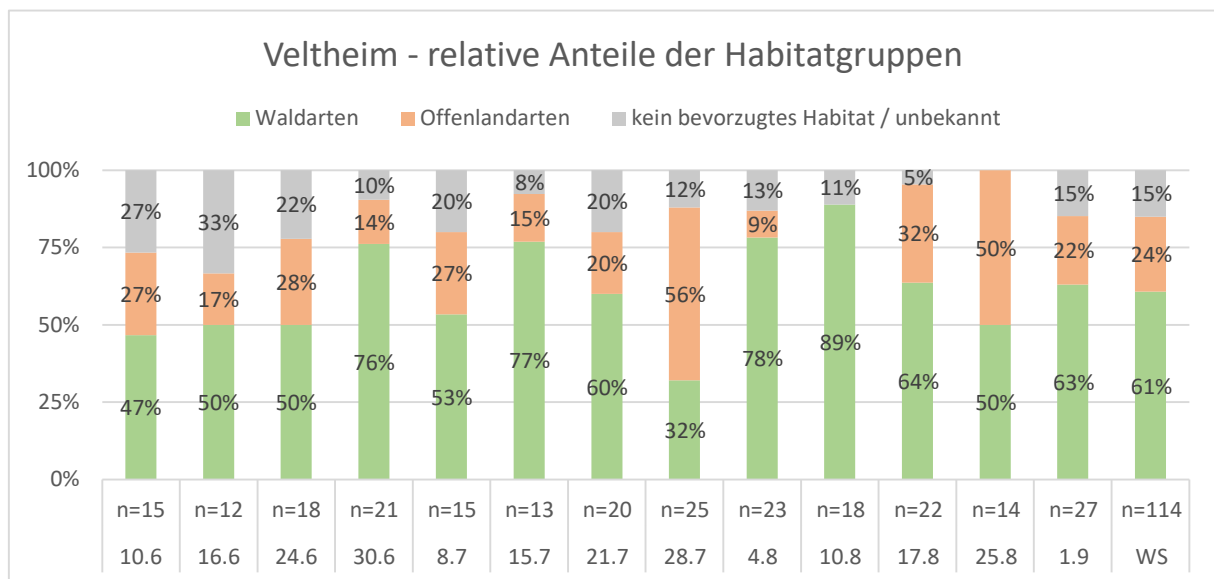


Abbildung 16: Die Habitatklassifikation der Beutetierart, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Beutetierarten. WS = Wochenstube.

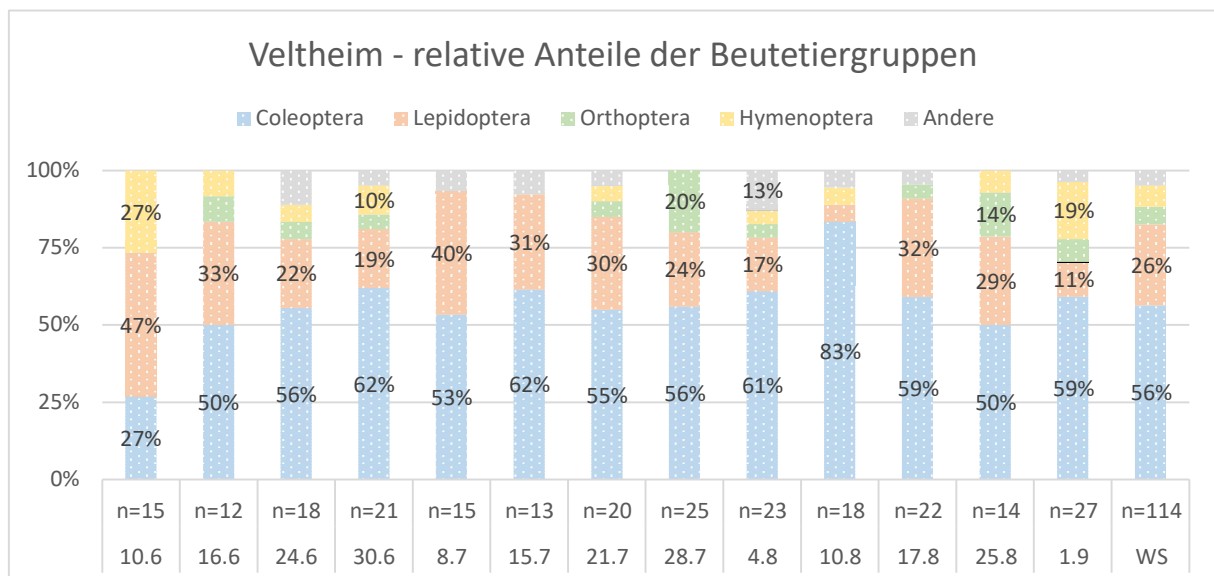


Abbildung 17: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesener Beutetierarten. WS = Wochenstube.

3.8 Saisonale Unterschiede

Betrachtet man den Shannon Index und dessen Trend pro Wochenstube, ist zu erkennen, dass dieser in Buttisholz und Veltheim während dem Sommerverlauf zunimmt und in Flawil und Steinen abnimmt (Abbildung 18).

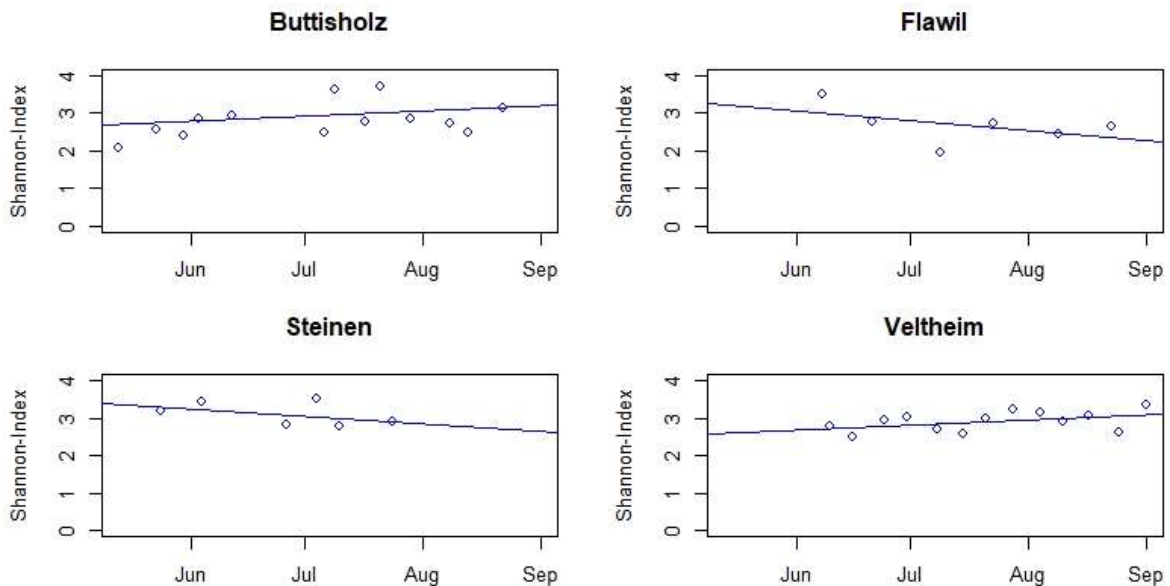


Abbildung 18: Sie saisonale Veränderung des Shannon-Index pro Wochenstube. Die Punkte zeigen die einzelnen Werte auf, die Linien den jeweiligen Trend. Die R^2 -Werte auf zwei Stellen nach dem Komma gerundet: Buttisholz = 0.69; Flawil = 0.24; Steinen = 0.21; Veltheim = 0.23.

Ebenfalls zu beobachten ist in der 2. Sommerhälfte ein Anstieg der Offenlandarten, während gleichzeitig der Anteil an Waldarten zurückgeht. Einzig in Veltheim nimmt der Anteil an Wald- als auch an Offenlandarten zu. In Steinen ist aufgrund des kürzeren Probenahmezeitraums nur eine leichte Tendenz festzustellen (Abbildung 19).

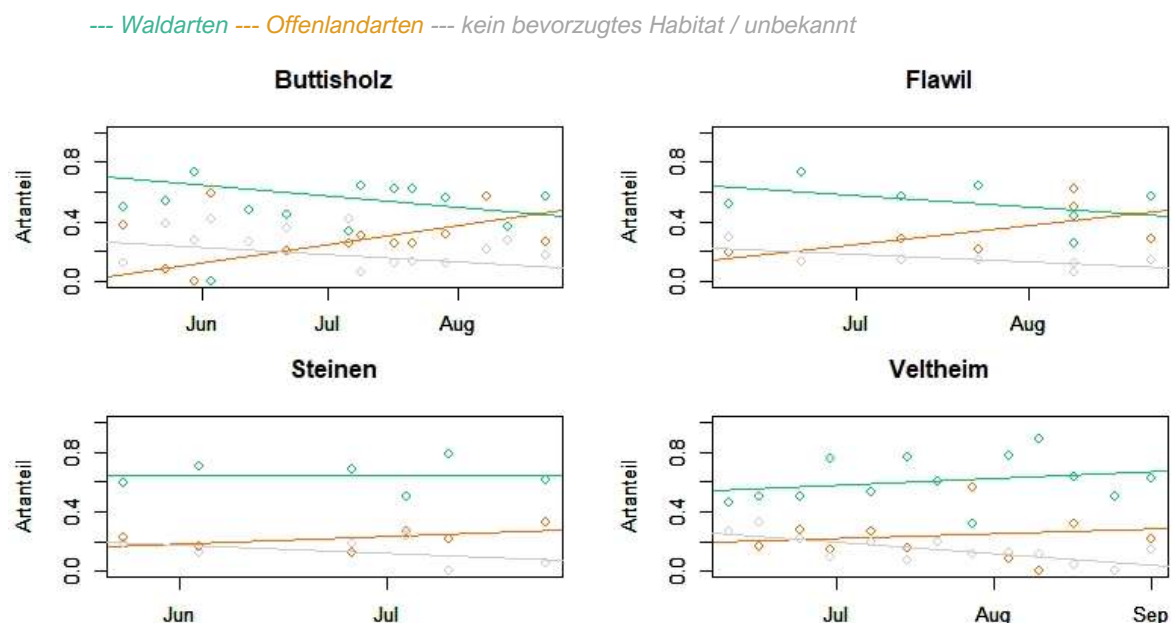


Abbildung 19: Der Anteil an Wald- und Offenlandarten inklusive Trend pro Wochenstube und über die Sommersaison dargestellt.

4 Diskussion

Waldbewohnende Arthropoda, darunter besonders die Coleoptera und Lepidoptera, waren in allen untersuchten Wochenstuben am häufigsten vertreten. Wie bereits in diversen Studien dokumentiert wurde (Bauerova, 1978; Graf et al., 1992; Kolb, 1958), kann davon ausgegangen werden, dass das Grosse Mausohr bevorzugt den Wald als Jagdlebensraum nutzt. Arten des Offenlandes waren lediglich temporär dominant vertreten. Dies kann vermutlich auf ein saisonal grösseres Beutetierangebot unter optimalen Jagdbedingungen, zum Beispiel bei frisch gemähten Wiesen, zurückgeführt werden (Arlettaz, 1999). Ein statistisch signifikanter Unterschied konnte bei der Nahrungszusammensetzung der vier Kolonien nicht festgestellt werden. Allerdings gibt es Tendenzen, die darauf hindeuten, dass Grosse Mausohren in einer offenflächenreichen Umgebung auch vermehrt auf diesen Flächen jagen. Es scheint also, dass das Grosse Mausohr durch und durch ein opportunistischer Jäger ist und jene Jagdlebensräume nutzt, welche das grösste Beuteangebot präsentieren.

4.1 Jagdlebensräume

Trotz dem teilweise grossen Anteil an nicht interpretierbaren Daten (10 – 27% an Arten, die nicht an ein bestimmtes Habitat gebunden sind) ist bei jeder untersuchten Wochenstube insgesamt eine Bevorzugung von waldbewohnenden Arthropoda festzustellen. Dieser Anteil ist umso höher, desto grösser der Waldanteil im untersuchten Jagdradius. Umgekehrt steigt auch der relative Anteil der Offenlandarten mit dem Anteil der Offenlandflächen. Das Grosse Mausohr findet sich also in verschiedenen Jagdlebensräumen zurecht und weiss das ihm zur Verfügung stehende Angebot zu nutzen.

Dass Offenlandflächen regelmässig als Jagdhabitat genutzt, diese je nach Standort der Wochenstube kurzzeitig sogar bevorzugt werden (Güttinger, 1997), konnte während der vorliegenden Untersuchung ebenfalls bestätigt werden. Die saisonale Nutzung hat vermutlich damit zu tun, dass diese Flächen als Jagdlebensraum nur temporär geeignet sind. Beispielsweise wenn die Wiesen frisch gemäht und der Bodenzugang für das Grosse Mausohr gewährleistet ist (Güttinger, 1997). Standorte mit wenig Offenlandflächen vermögen vermutlich den Nahrungsbedarf der Grossen Mausohren nicht in gleicher Masse zu decken und sind somit als Jagdlebensraum weniger attraktiv. In einer in Deutschland durchgeführten Studie (Treitler et al., 2016) konnte ausserdem festgestellt werden, dass die Nutzung von Offenlandflächen mit zunehmender Waldnähe geringer wird.

Es ist anzunehmen, dass das Grosse Mausohr auch bei geringer Bedeckung bevorzugt im Wald jagt und offene Landschaften, wie beispielsweise Wiesen und Weiden dann nutzt, wenn Beuteressourcen in einer höheren Dichte vorhanden sind (Arlettaz, 1996; Rudolph, Bernd-Ulrich, 2009; Zahn et al., 2006).

4.2 Beutetierspektrum

Eine eindeutige Bevorzugung der Carabidae konnte während der vorliegenden Untersuchung nicht festgestellt werden. Da anhand der Sequenzdaten nicht eindeutig beurteilt werden konnte, von wie vielen Individuen einer Art die nachgewiesene DNA stammt, sind die Ergebnisse möglicherweise leicht verfälscht. Allerdings bestätigt sich die Annahme, wenn sie nicht bloss auf die Familie der Carabidae, sondern auf die Ordnung der Coleoptera angewandt wird. Tatsächlich weisen die Daten darauf hin, dass Coleoptera einen wichtigen Grundbestandteil der Nahrungszusammensetzung bei allen untersuchten Wochenstuben des Grossen Mausohrs ausmachen. Ebenfalls eine relevante Rolle scheinen in allen Wochenstuben, darunter besonders in derjenigen in Buttisholz, die Lepidoptera zu spielen. Da sich Mausohren auf bodenbewohnende Insekten spezialisiert haben, könnte es sich dabei um Larven handeln oder Imagines, welche sich für die Balz oder die Eiablage auf den Boden niedergelassen haben (Pinzari et al., 2019). Gelegentlich kann auch mal ein Falter in der Luft erbeutet werden (Kolb, 1958). In einer Studie von Arlettaz et al. (1996) machten Lepidoptera-Larven 19% des Beutetierspektrums aus. Ob der grosse Anteil an Lepidoptera während der hier durchgeführten Untersuchung auf wenige Individuen vieler verschiedener Arten zurückzuführen ist oder ob deren Relevanz in der Vergangenheit unterschätzt wurde, kann anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilt werden.

Die Relevanz der Hymenoptera als Nahrungsbestandteil des Grossen Mausohrs wurde bis dato als gering eingeschätzt (Arlettaz et al., 1997; Beck, 1995). Trotzdem sind sie mit bis zu insgesamt 12% relativ häufig vertreten. Dabei handelt es sich um Arten, die weder aufgrund ihrer parasitären Lebensweise noch ihrer Tendenz sich in Dachböden einzunisten, von der Analyse ausgeschlossen wurden. Wie bei den Lepidoptera könnte es sich um eine Übergewichtung von in geringer Anzahl erbeuteter Individuen handeln.

Orthoptera konnten zwar in allen Wochenstuben als Beutetiere nachgewiesen werden, allerdings scheinen sie je nach Standort unterschiedlich relevant zu sein. In den Wochenstuben in Buttisholz und Flawil mit vergleichsmässig viel Offenlandflächen sind sie stärker vertreten als in den walddreicheren Standorten Steinen und Veltheim. Es kann vermutet werden, dass

deren Anteil das Flächenangebot an traditionell bewirtschafteten Wiesen und Weiden widerspiegelt (Güttinger, 1997).

Diptera und Arachnida wurden in anderen Studien als Beutekategorien erwähnt (Graclik & Wasielewski, 2012; Graf et al., 1992), waren in dieser Untersuchung jedoch von geringer Relevanz. Dies liegt daran, dass die meisten Arten dieser Ordnungen nicht für die Analyse berücksichtigt wurden. Einerseits weil davon ausgegangen wurde, dass sie aufgrund ihrer geringen Grösse (< 10 mm) keinen Hauptbestandteil des Nahrungsspektrums ausmachen. Andererseits weil die meisten Arten der Diptera als Umweltkontamination und nicht als Beute des Grossen Mausohrs klassifiziert wurden.

Eine Art, die in den Proben erwartet wurde, aber nicht nachgewiesen werden konnte, ist *Tipula pallescens*. Sie kommt in der Region um Flawil temporär sehr häufig vor und konnte bei morphologischen Untersuchungen teilweise in grossen Mengen nachgewiesen werden (R. Güttinger, E-Mail, 20. Juli 2020). Eine Erklärung dafür könnte sein, dass die Sequenzdaten auf der BOLD-Datenbank nur mit Daten abgeglichen wurden, die mitteleuropäischen Ursprungs sind. Nach einem Abgleich mit der gesamten BOLD-Datenbank war *Tipula pallescens* durchaus in Proben vorhanden. Dies jedoch mit so geringer Häufigkeit, dass die Ergebnisse noch immer nicht zufriedenstellend sind. Der Vergleich der DNA-Sequenz mit der Basenabfolge des Primer-Sets zeigt, dass die Primer sich grundsätzlich für die Amplifikation der DNA von *Tipula pallescens* eignen. Möglicherweise war eine Vervielfachung der DNA aufgrund von PCR-Inhibitoren oder wegen bereits fortgeschrittener DNA-Degradierung nicht mehr möglich.

Da der Kurvenverlauf der «Rarefaction curve» mit der Anzahl Stichproben stetig gestiegen ist, ist anzunehmen, dass noch nicht das ganze Beutetierspektrum des Grossen Mausohrs erfasst werden konnte (Cayuela et al., 2015) und die Stichprobenanzahl noch erhöht werden müsste.

4.3 Saisonale Unterschiede

Dass in der zweiten Sommerhälfte vermehrt Offenflächen als Jagdlebensraum genutzt werden, konnte für alle untersuchten Wochenstuben, wenn auch in unterschiedlichem Ausmass, bestätigt werden. Da in der Wochenstube Steinen nur bis Ende Juli Guanoproben gesammelt wurden, konnte die saisonale Veränderung an diesem Standort nur begrenzt analysiert werden. Der erhöhte Anteil Offenlandarten in der zweiten Sommerhälfte erklärte Güttinger (1997) damit, dass sich das Grosse Mausohr dem saisonalen Nahrungsangebot anpasst.

Die Berechnungen des Shannon Index zeigen ausserdem, dass die Diversität im Nahrungsspektrum je nach Wochenstube unterschiedlich stark schwankt und je nach dem zu- oder abnimmt. Ohne die Abundanzangaben der einzelnen Arten im Fledermausguano besitzt der Index jedoch nur bedingt Aussagekraft. Hinzu kommt, dass die Anzahl nachgewiesener Beutetierarten pro Stichprobe stark variiert, was wahrscheinlich auf Unterschiede in der DNA-Menge und -Qualität in den Mischproben zurückzuführen ist. Unter diesen Bedingungen sind die Werte also nur schwierig zu interpretieren und miteinander zu vergleichen.

Einzelne Beutetierarten dominieren die Nahrung des Grossen Mausohrs kurzzeitig, wenn sie in Schwärmen auftreten und somit für das Grosse Mausohr leichte Beute sind (Beck, 1995). Die starke Vertretung von Wald- beziehungsweise Offenlandarten in Verbindung mit der Dominanz einer Beutetierordnung könnte ein Hinweis auf ein solches Schwarmvorkommen sein. Besonders in Flawil und Buttisholz gibt es einzelne Mischproben, deren Zusammensetzung annehmen lassen, dass Orthoptera und Lepidoptera temporär in höherer Anzahl vorgekommen sind. Der Sumpfgrashüpfer (*Chorthippus montanus*) beispielsweise erreicht im Spätsommer die maximale Populationsgrösse adulter Individuen (Weyer et al., 2012) und wurde in den Stichproben auch vermehrt ab Ende Juli nachgewiesen.

4.4 Bedeutung für den Fledermausschutz

Die Ergebnisse dieser Untersuchung zeigen, dass eine Bevorzugung von Waldarten in allen Wochenstuben vorliegt und dem Wald demnach eine besondere Bedeutung als Jagdlebensraum zukommt. Dabei spielen insbesondere geschlossene Waldstandorte wie Buchenhallenwälder eine wichtige Rolle (Aschoff et al., 2006). In der modernen Waldwirtschaft wird allerdings zunehmend eine natürliche Verjüngung durch Lichteinfall zur Förderung von wärmeliebenden Pflanzen- und Tierarten praktiziert (BAFU, 2013). Wo der Waldboden vorher zugänglich war, entwickelt sich somit zunehmend eine Vegetationsschicht. Während die Biodiversität grundsätzlich profitiert (Imesch et al., 2015), könnte das Grosse Mausohr dadurch wichtige Jagdlebensräume verlieren. Durch eine angepasste Bewirtschaftung und die Vermeidung von waldbaulichen Eingriffen in Hallenwäldern können sie dem Grossen Mausohr erhalten bleiben. Von Zahn und Güttinger (2004) wurde ausserdem die Wiedereinführung von Waldweiden vorgeschlagen. Landwirtschaftliche Ganzjahresbetriebe mit Waldweiden werden in der Schweiz in Form von Biodiversitätsbeiträgen unterstützt. Allerdings ist diese Art der Waldnutzung in den meisten Kantonen grundsätzlich verboten und kann nur nach Absprache mit den Behörden und dem Waldeigentümer genehmigt werden (AWaG 931.100, 1997; KWaG 945, 1999; SGS 651.1, 1998).

Die Tatsache, dass Offenlandschaften zumindest saisonal genutzt werden, lässt vermuten, dass eine Extensivierung der Weide- und Wiesenbewirtschaftung für das Grosse Mausohr ebenfalls positive Auswirkungen hätte. Ein reicheres Angebot an Beuteinsekten in Offenlandflächen könnte in einer verstärkten Nutzung resultieren. Gemäss Treitler et al. (2016) vor allem dann, wenn Wälder nicht in der unmittelbaren Umgebung vorhanden sind. Angesichts des aktuellen Insektensterbens (Hallmann et al., 2017) werden Bemühungen, die Nahrungsgrundlage der Grossen Mausohren zu erhalten, künftig vermehrt einen wichtigen Platz im praktischen Fledermausschutz einnehmen. Im Speziellen, weil ein Hauptbestandteil des Nahrungsspektrums, die Coleoptera, besonders gefährdet sind (Hallmann et al., 2020; Harris et al., 2019).

Die Fähigkeit des Grossen Mausohrs sich an das verfügbare Nahrungs- und Habitatsangebot anzupassen, lässt hoffen, dass sie sich auch in Zukunft in einer zunehmend anthropogen geprägten Kulturlandschaft zurechtfinden wird. Zusätzlich zu den Massnahmen zur Erhaltung von Wochenstuben können Bemühungen zur Sicherung der Nahrungsgrundlage einen wesentlichen Beitrag leisten, die Populationen auch langfristig zu erhalten. Detaillierte Flächenanalysen können dabei wichtige Hinweise liefern, welche Jagdlebensräume, auch ausserhalb des Waldes, von Relevanz sind.

4.5 Fazit

Mittels Metabarcoding lässt sich das Nahrungsspektrum des Grossen Mausohrs in einer Tiefe untersuchen, welche mittels morphologischer Untersuchungen kaum möglich ist. Allerdings können bei der Methode auch Schwierigkeiten auftreten. Beginnend bei der Probenahme über die Wahl des DNA-Extraktionskits und der verwendeten Primer bis hin zur bioinformatischen Analyse und der statistischen Auswertung (Alberdi et al., 2018). Die zwei Hauptnachteile sind sicherlich, dass sich mit Sequenzdaten nur bedingt quantitative Aussagen machen lassen und dass sich nicht immer feststellen lässt, in welcher Form die DNA einer Tierart in die Probe gelangt ist. Es kann also nicht beurteilt werden, ob beispielsweise eine Larve oder eine Imago erbeutet wurde. Ebenso wenig lässt sich zweifelsfrei nachvollziehen, ob es sich bei gewissen Taxa um sekundäre Beutetiere handelt. Nichtsdestotrotz sind DNA-Analysen ein hilfreiches Werkzeug bei der Analyse von Umweltproben und lassen sich vermehrt rasch und günstig durchführen (Derocles et al., 2018). Der Vergleich mit anderen Studien zeigt, dass die Ergebnisse zu ähnlichen Schlussfolgerungen führen. Dennoch gewinnen Metabarcoding-Analysen an Aussagekraft, wenn sie ergänzend oder zusammen mit traditionellen Methoden ausgeführt werden.

Bezüglich der Relevanz verschiedener Jagdlebensräume würde sich anbieten, die Bewegungsmuster der Grossen Mausohren, etwa mittels Trackingsystemen oder Bioakustik, in Wald- als auch in Offenlandschaften zu ermitteln. Durch einen Vergleich der Daten mit dem Nahrungsspektrum, beziehungsweise der davon abgeleiteten Habitatnutzung, könnte festgestellt werden, ob die verschiedenen Ansätze zu den gleichen Schlussfolgerungen führen. Die Berücksichtigung der Distanzen zu verschiedenen Jagdhabitaten könnte dabei wichtige Hinweise liefern.

Ebenso aufschlussreich könnte eine Qualitätsbewertung der verschiedenen Jagdlebensräume sein. Beispielsweise könnte die Bewirtschaftungsform, inklusive Art und Menge der Pestizideinsätze und die Abundanz potenzieller Beutetiere überprüft werden. Der Austausch der verschiedenen Akteure aus der Forst- und Landwirtschaft sowie dem Natur- und Fledermausschutz würden dabei eine effizientere Datenerfassung ermöglichen.

Abschliessend ist zu erwähnen, dass die Ergebnisse der DNA-Analyse noch viele Möglichkeiten bieten, die Sequenzdaten mit unterschiedlichen Kriterien neu zu analysieren. So könnte man beispielsweise auf den Ausschluss von Beutetieren mit geringer Grösse (<10 mm) verzichten oder die Anzahl Reads berücksichtigen. Ebenso liesse sich die Bedeutung einzelner Familien oder Arten genauer beurteilen. Obschon bereits ein grosses Wissen bezüglich Beutetierspektrum und Jagdlebensraum des Grossen Mausohrs bekannt ist, gibt es also noch reichlich Potenzial diese Bereiche noch weiter zu erforschen.

5 Literaturverzeichnis

- Alberdi, A., Aizpurua, O., Gilbert, M. T. P., & Bohmann, K. (2018). Scrutinizing key steps for reliable metabarcoding of environmental samples. *Methods in Ecology and Evolution*, *9*(1), 134–147. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12849>
- Andriollo, T., Gillet, F., Michaux, J. R., & Ruedi, M. (2019). The menu varies with metabarcoding practices: A case study with the bat *Plecotus auritus*. *PLOS ONE*, *14*(7). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219135>
- Arbeitskreis Entomologie. (2016). *Insekten Sachsen*. Von <https://www.insekten-sachsen.de/> abgerufen am 26.06.2020
- Arlettaz, R. (1996). Feeding behaviour and foraging strategy of free-living mouse-eared bats, *Myotis myotis* and *Myotis blythii*. *Animal Behaviour*, *51*, 1–11. <https://doi.org/10.1006/anbe.1996.0001>
- Arlettaz, R. (1999). Habitat selection as a major resource partitioning mechanism between the two sympatric sibling bat species *Myotis myotis* and *Myotis blythii*. *Journal of Animal Ecology*, *68*(3), 460–471. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2656.1999.00293.x>
- Arlettaz, R., Perrin, N., & Hausser, J. (1997). Trophic Resource Partitioning and Competition between the Two Sibling Bat Species *Myotis myotis* and *Myotis blythii*. *The Journal of Animal Ecology*, *66*(6), 897–911. <https://doi.org/10.2307/6005>
- Aschoff, T., Holderied, M., Marckmann, U., & Runkel, V. (2006). *Forstliche Maßnahmen zur Verbesserung von Jagdlebensräumen von Fledermäusen*. Albert-Ludwigs-Universität Freiburg.
- Audet, D. (1990). Foraging Behavior and Habitat Use by a Gleaning Bat, *Myotis myotis* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Journal of Mammalogy*, *71*(3), 420–427. <https://doi.org/10.2307/1381955>
- AWaG 931.100 (1997). *Waldgesetz des Kantons Aargau vom 1. Juli 1997*.

- BAFU. (2013). *Waldpolitik 2020: Visionen, Ziele und Massnahmen für eine nachhaltige Bewirtschaftung des Schweizer Waldes* (S. 66). Bundesamt für Umwelt, Bern.
- BAFU. (2019). *Liste der national prioritären Arten und Lebensräume. In der Schweiz zu fördernde prioritäre Arten und Lebensräume.* (Umwelt-Vollzug Nr. 1709, S. 99). Bundesamt für Umwelt, Bern.
- Bauerova, Z. (1978). Contribution to the trophic ecology of *Myotis myotis*. *Folia Zoologica* 27, 305–316.
- Beck, A. (1995). Fecal analyses of European bat species. *Myotis*, 32–33, 109–119.
- Bohnenstengel, T., Krättli, H., Obrist, M. K., Bontadina, F., Jaberg, C., Ruedi, M., & Moeschler, P. (2011). *Rote Liste Fledermäuse. Gefährdete Arten der Schweiz, Stand 2011.* (Umwelt-Vollzug Nr. 1412; S. 95). BAFU, Bern; CCO, Genève; KOF, Zürich; SZKF, Neuenburg; WSL, Birmensdorf.
- Broggi, M. F. (Hrsg.). (2011). *Die Säugetiere des Fürstentums Liechtenstein (Mammalia).* Vaduz: Amtlicher Lehrmittelverlag.
- Bundesamt für Statistik. (2013). *Arealstatistik 2004/09 nach Bodennutzungsnomenklatur NOLU04* [Map].
- Bundesamt für Statistik. (2017). *Arealstatistik nach Nomenklatur 2004—Bodennutzung (Land Use).* Abteilung Raum und Umwelt Sektion Geoinformation.
- Cayuela, L., Gotelli, N. J., & Colwell, R. K. (2015). Ecological and biogeographic null hypotheses for comparing rarefaction curves. *Ecological Monographs*, 85(3), 437–455. <https://doi.org/10.1890/14-1261.1>
- Deagle, B. E., Thomas, A. C., McInnes, J. C., Clarke, L. J., Vesterinen, E. J., Clare, E. L., Kartzinel, T. R., & Eveson, J. P. (2019). Counting with DNA in metabarcoding studies: How should we convert sequence reads to dietary data? *Molecular Ecology*, 28(2), 391–406. <https://doi.org/10.1111/mec.14734>
- Derocles, S. A. P., Bohan, D. A., Dumbrell, A. J., Kitson, J. J. N., Massol, F., Pauvert, C., Plantegenest, M., Vacher, C., & Evans, D. M. (2018). Biomonitoring for the 21st

- Century: Integrating Next-Generation Sequencing Into Ecological Network Analysis. In *Advances in Ecological Research* (Bd. 58, S. 1–62). Elsevier.
<https://doi.org/10.1016/bs.aecr.2017.12.001>
- Dietz, C., Nill, D., & Helversen, O. von. (2016). *Handbuch der Fledermäuse—Europa und Nordwestafrika* (2. Auflage). Stuttgart Kosmos.
- Drescher, C. (2004). Radiotracking of *Myotis myotis* (Chiroptera, Vespertilionidae) in South Tyrol and implications for its conservation. *Mammalia*, 68(4), 387–395.
<https://doi.org/10.1515/mamm.2004.038>
- ESRI Inc. (2020). *ArcGIS Pro*. (2.5.2) [Computer software]. CA: Environmental Systems Research Institute.
- Funk, W. (2007). Funk, W. (2007). *Steckbriefe Käfer*. Von <http://www.insektenbox.de> abgerufen am 26.06.2020
- Galan, M., Pons, J.-B., Tournayre, O., Pierre, É., Leuchtmann, M., Pontier, D., & Charbonnel, N. (2018). Metabarcoding for the parallel identification of several hundred predators and their prey: Application to bat species diet analysis. *Molecular Ecology Resources*, 18(3), 474–489. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12749>
- Goossens, B., & Bruford, M. W. (2009). Non-invasive genetic analysis in conservation. In G. Bertorelle, M. W. Bruford, H. C. Hauffe, A. Rizzoli, & C. Vernesi (Hrsg.), *Population Genetics for Animal Conservation* (S. 167–201). Cambridge University Press.
<https://doi.org/10.1017/CBO9780511626920.009>
- Graclik, A., & Wasielewski, O. (2012). Diet composition of *Myotis myotis* (Chiroptera, Vespertilionidae) in western Poland: Results of fecal analyses. *Turkish Journal of Zoology*, 36(2), 209–213.
- Graf, M., Stutz, H.-P. B., & Ziswiler, V. (1992). Regionale und saisonale Unterschiede in der Nahrungszusammensetzung des Grossen Mausohrs *Myotis myotis* (Chiroptera, Vespertilionidae) in der Schweiz. *Zeitschrift für Säugetierkunde*, Vol. 57, Num. 4, 193–200.

- Güttinger, R. (1997). *Jagdhabitats des Grossen Mausohrs (Myotis myotis) in der modernen Kulturlandschaft*. BUWAL-Reihe Umwelt, Nr. 288. Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft. 140 S.
- Güttinger, R., Hoch, S., & Beck, A. (2006). Die Nahrung und potenziellen Jagdhabitats des Grossen Mausohrs (*Myotis myotis*) in Triesen, Fürstentum Liechtenstein. *Botanisch-Zoologische Gesellschaft Liechtenstein-Sargans-Werdenber*, 32, 165–174.
- Hallmann, C. A., Sorg, M., Jongejans, E., Siepel, H., Hofland, N., Schwan, H., Stenmans, W., Müller, A., Sumser, H., Hörrn, T., Goulson, D., & de Kroon, H. (2017). More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. *PLOS ONE*, 12(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185809>
- Hallmann, C. A., Zeegers, T., Klink, R., Vermeulen, R., Wielink, P., Spijkers, H., Deijk, J., Steenis, W., & Jongejans, E. (2020). Declining abundance of beetles, moths and caddisflies in the Netherlands. *Insect Conservation and Diversity*, 13(2), 127–139. <https://doi.org/10.1111/icad.12377>
- Hammer, Ø., Harper, D. A. T., & Ryan, P. D. (2001). *Past (4.03)* [Computer software]. University of Oslo.
- Harris, J. E., Rodenhouse, N. L., & Holmes, R. T. (2019). Decline in beetle abundance and diversity in an intact temperate forest linked to climate warming. *Biological Conservation*, 240. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2019.108219>
- Hofmann, K., & Heise, G. (1991). Vergiftung junger Mausohren (*Myotis myotis*) durch Pflanzenschutzmittel. *Nyctalus*, 4(1), 85–87.
- Imesch, N., Stadler, B., Bolliger, M., & Schneider, O. (2015). *Biodiversität im Wald: Ziele und Massnahmen* (Umwelt-Vollzug Nr. 1503, S. 186). Bundesamt für Umwelt, Bern.
- KWaG 945 (1999). Kantonales Waldgesetz Luzern vom 01.02.1999.
- Kolb, A. (1958). Nahrung und Nahrungsaufnahme bei Fledermäusen. *Zeitschrift für Säugetierkunde*, 23, 84–95.

- Krättli, H., Moeschler, P., Stutz, H.-P. B., Obrist, M. K., Bontadina, F., Bohnenstengel, T., & Jaberg, C. (2012). *Konzept Artenförderung Fledermäuse 2013-2020 (106 S.)*. Schweizerische Koordinationsstelle für Fledermausschutz.
- Leray, M., Yang, J. Y., Meyer, C. P., Mills, S. C., Agudelo, N., Ranwez, V., Boehm, J. T., & Machida, R. J. (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), 10–34. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-10-34>
- Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.journal*, *17*(1), 10–12. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>
- MP Biomedicals. (2019). *FastDNA™ SPIN Kit for Soil - Instruction Manual. Cat. No.: 116560200/116560000*.
- NatureSpot. (2009). *Recording the Wildlife of Leicestershire and Rutland*. Von <https://www.naturespot.org.uk/> abgerufen am 26.06.2020.
- Pereira, M. J. R., Rebelo, H., Rainho, A., & Palmeirim, J. M. (2002). Prey Selection by *Myotis myotis* (Vespertilionidae) in a Mediterranean Region. *Acta Chiropterologica*, *4*(2), 183–193. <https://doi.org/10.3161/001.004.0207>
- Pinzari, M., Pinzari, M., & Sbordoni, V. (2019). Make it simple: Mating behaviour of *Euphydryas aurinia provincialis* (Lepidoptera: Nymphalidae). *The European Zoological Journal*, *86*(1), 220–232. <https://doi.org/10.1080/24750263.2019.1629030>
- R Core Team. (2020). *R: a language and environment for statistical computing - 4.0.1*. R Foundation for Statistical Computing, Wien.
- Ramón-Laca, A., Soriano, L., Gleeson, D., & Godoy, J. A. (2015). A simple and effective method for obtaining mammal DNA from faeces. *Wildlife Biology*, *21*(4), 195–203. <https://doi.org/10.2981/wlb.00096>
- Rognes, T., Flouri, T., Nichols, B., Quince, C., & Mahé, F. (2016). VSEARCH: A versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ*, *4*. <https://doi.org/10.7717/peerj.2584>

- Rudolph, Bernd-Ulrich. (2009). Habitat Selection and Activity Patterns in the Greater Mouse-eared Bat *Myotis myotis*. *Acta Chiropterologica*, 11(2), 351–361. <https://doi.org/10.3161/150811009X485585>
- Sánchez-Bayo, F., & Wyckhuys, K. A. G. (2019). Worldwide decline of the entomofauna: A review of its drivers. *Biological Conservation*, 232, 8–27. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2019.01.020>
- SGS 651.1 (1998). *Einführungsgesetz zur eidgenössischen Waldgesetzgebung St. Gallen. vom 29.11.1998.*
- Shannon, C. E. (1948). A mathematical theory of communication. *Bell system technical journal*, 27(3), 379–423.
- Siemers, B. M., & Güttinger, R. (2006). Prey conspicuousness can explain apparent prey selectivity. *Current Biology*, 16(5), 157–159. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2006.02.056>
- Stahlschmidt, P., & Brühl, C. A. (2012). Bats at risk? Bat activity and insecticide residue analysis of food items in an apple orchard. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 31(7), 1556–1563. <https://doi.org/10.1002/etc.1834>
- Treitler, J. T., Heim, O., Tschapka, M., & Jung, K. (2016). The effect of local land use and loss of forests on bats and nocturnal insects. *Ecology and Evolution*, 6(13), 4289–4297. <https://doi.org/10.1002/ece3.2160>
- Weyer, J., Weinberger, J., & Hochkirch, A. (2012). Mobility and microhabitat utilization in a flightless wetland grasshopper, *Chorthippus montanus* (Charpentier, 1825). *Journal of Insect Conservation*, 16(3), 379–390. <https://doi.org/10.1007/s10841-011-9423-6>
- Whittaker, R. H. (1972). Evolution and measurement of species diversity. *TAXON*, 21(2–3), 213–251. <https://doi.org/10.2307/1218190>
- Zahn, A., Haselbach, H., & Güttinger, R. (2005). Foraging activity of central European *Myotis myotis* in a landscape dominated by spruce monocultures. *Mammalian Biology*, 70(5), 265–270. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2004.11.020>

- Zahn, A., Rottenwallner, A., & Guttinger, R. (2006). Population density of the greater mouse-eared bat (*Myotis myotis*), local diet composition and availability of foraging habitats. *Journal of Zoology*, *269*(4), 486–493. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2006.00081.x>
- Zeale, M. R. K., Butlin, R. K., Barker, G. L. A., Lees, D. C., & Jones, G. (2011). Taxon-specific PCR for DNA barcoding arthropod prey in bat faeces: DNA BARCODING. *Molecular Ecology Resources*, *11*(2), 236–244. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02920.x>

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Die Standorte der untersuchten Wochenstuben und der untersuchte Jagdradius von 14 km. ▲ = Buttisholz; ✚ = Flawil; ★ = Steinen; ● = Veltheim	5
Abbildung 2: Die COI Primer, die für die PCR-Reaktion verwendet wurden aus Leray et al. 2013.....	6
Abbildung 3: Mit der "Rarefaction curve" lässt sich überprüfen, ob die Stichprobenanzahl ausreichend war, um das gesamte Beutespektrum zu ermitteln.....	10
Abbildung 4: Die Flächenanteile jeder untersuchten Wochenstube innerhalb eines Radius von 14 km.....	11
Abbildung 5: Das Beutetierspektrum aller vier Wochenstuben im Überblick sortiert nach Ordnung. Bei allen Angaben handelt es sich um relative Anteile. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten.....	12
Abbildung 6: Die Ordnung der Coleoptera noch detaillierter aufgeteilt nach Familienzugehörigkeit.....	12
Abbildung 7: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Wochenstube. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten.....	13
Abbildung 8: Die Boxplots sollen den Zusammenhang zwischen den Flächen und dem relativen Anteil der Beutetiergruppe aufzeigen. Die Anordnung der Wochenstuben bezieht sich auf die Grösse der untersuchten Flächen. Aussen links ist die Wochenstube mit der geringsten Waldfläche, aussen rechts die Wochenstube mit der grössten Waldfläche.....	14
Abbildung 9: Die Boxplots sollen den Zusammenhang zwischen den Flächen und dem relativen Anteil der Beutetiergruppe aufzeigen. Die Anordnung der Wochenstuben bezieht sich auf die Grösse der untersuchten Flächen. Aussen links ist die Wochenstube mit der geringsten Offenlandfläche, aussen rechts die Wochenstube mit der grössten Offenlandfläche.....	14
Abbildung 10: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube...	15
Abbildung 11: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesener Arten. WS = Wochenstube...	15
Abbildung 12: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. Am 9.8 wurden zwei Stichproben genommen, da die Grossen Mausohren ihren Hangplatz gewechselt haben («a» = alt, «f» = frisch). «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.....	16
Abbildung 13: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. Am 9.8 wurden zwei Stichproben genommen, da die Grossen	

Mausohren ihren Hangplatz gewechselt haben («a» = alt, «f» = frisch). «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube.....	16
Abbildung 14: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Arten. WS = Wochenstube. ...	17
Abbildung 15: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesener Arten. WS = Wochenstube...	17
Abbildung 16: Die Habitatklassifikation der Beutetiertaxa, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesene Spezies. WS = Wochenstube.	18
Abbildung 17: Die Beutetierklassifikation nach Ordnung, angegeben in relativen Anteilen und sortiert nach Stichprobedatum. «n» = Anzahl nachgewiesener Spezies. WS = Wochenstube.	18
Abbildung 18: Sie saisonale Veränderung des Shannon-Index pro Wochenstube. Die Punkte zeigen die einzelnen Werte auf, die Linien den jeweiligen Trend. Die R ² -Werte auf zwei Stellen nach dem Komma gerundet: Buttisholz = 0.69; Flawil = 0.24; Steinen = 0.21; Veltheim = 0.23.	19
Abbildung 19: Der Anteil an Wald- und Offenlandarten inklusive Trend pro Wochenstube und über die Sommersaison dargestellt.	19

Tabellen- und Formelverzeichnis

Tabelle 1: Detailangaben zu den untersuchten Wochenstuben des Grossen Mausohrs.....	4
Formel 1: Die verwendeten Formeln aus Deagle et. al (2019).....	8
Formel 2: Die verwendete Formel für die Berechnung des Shannon Index.....	9

Anhang

Anhang A: Übersicht der Probenahmedaten

Anhang B: Artenliste

Anhang C: Stichprobenübersicht

Anhang D: ANOVA-Testergebnisse und Beta-Diversität

Anhang A: Übersicht der Probenahmedaten

Buttischholz	Flawil		Steinen	Veitheim
1		13.05.2019		
		14.05.2019		
		15.05.2019		
		16.05.2019		
		17.05.2019		
		18.05.2019		
		19.05.2019		
		20.05.2019		
		21.05.2019		
		22.05.2019		
1		23.05.2019		
		24.05.2019	1	
		25.05.2019		
		26.05.2019		
		27.05.2019		
		28.05.2019		
		29.05.2019		
1		30.05.2019		
		31.05.2019		
		01.06.2019		
		02.06.2019		
1		03.06.2019		
		04.06.2019	1	
		05.06.2019		
		06.06.2019		
		07.06.2019		
	1	08.06.2019		
		09.06.2019		
		10.06.2019		1
		11.06.2019		
1		12.06.2019		
		13.06.2019		
		14.06.2019		
		15.06.2019		
		16.06.2019		1
		17.06.2019		
		18.06.2019		
		19.06.2019		
		20.06.2019		
1	1	21.06.2019		
		22.06.2019		
		23.06.2019		
		24.06.2019		1
		25.06.2019		
		26.06.2019	1	
		27.06.2019		
		28.06.2019		
		29.06.2019		
		30.06.2019		1
		01.07.2019		
		02.07.2019		
		03.07.2019		
		04.07.2019	1	
		05.07.2019		
1		06.07.2019		
		07.07.2019		

Buttischholz	Flawil		Steinen	Veitheim
		08.07.2019		1
1	2	09.07.2019		
		10.07.2019	1	
		11.07.2019		
		12.07.2019		
		13.07.2019		
		14.07.2019		
		15.07.2019		1
		16.07.2019		
1		17.07.2019	1	
		18.07.2019		
		19.07.2019		
		20.07.2019		
1		21.07.2019		1
		22.07.2019		
	1	23.07.2019		
		24.07.2019	1	
		25.07.2019		
		26.07.2019		
		27.07.2019		
		28.07.2019		1
1		29.07.2019		
		30.07.2019		
		31.07.2019		
		01.08.2019		
		02.08.2019		
		03.08.2019		
		04.08.2019		1
		05.08.2019		
		06.08.2019		
		07.08.2019		
1		08.08.2019		
	2	09.08.2019		
		10.08.2019		1
		11.08.2019		
		12.08.2019		
1		13.08.2019		
		14.08.2019		
		15.08.2019		
		16.08.2019		
		17.08.2019		1
		18.08.2019		
		19.08.2019		
		20.08.2019		
		21.08.2019		
1		22.08.2019		
	1	23.08.2019		
		24.08.2019		
		25.08.2019	1	1
		26.08.2019		
		27.08.2019		
		28.08.2019		
		29.08.2019		
		30.08.2019		
		31.08.2019		
		01.09.2019		1

Anhang B: Artenliste

Habitate: 0 = kein bevorzugtes Habitat oder unbekannt, 1 = Offenland bevorzugt, 2 = Wald bevorzugt, 3 = Waldrand bevorzugt. Die Zahlen beim jeweiligen Standort zeigen auf, wie oft die Art insgesamt in den Stichproben dieser Wochenstube nachgewiesen wurde.

	Habitat	Buttisholz	Flawil	Steinen	Veltheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
Arachnida					
Araneae					
Araneidae					
<i>Gibbaraneao moeda</i>	2	0	1	0	0
Clubionidae					
<i>Clubiona pallidula</i>	0	1	1	2	0
Diplopoda					
Julida					
Julidae					
<i>Cylindroiulus punctatus</i>	2	1	0	1	0
<i>Julus scandinavus</i>	2	1	1	1	2
<i>Tachypodoiulus niger</i>	2	3	1	5	2
Polydesmida					
Polydesmidae					
<i>Polydesmus angustus</i>	2	0	0	1	0
Insecta					
Coleoptera					
Cantharidae					
<i>Cantharis fusca</i>	0	0	0	0	1
<i>Rhagonycha fulva</i>	3	3	0	1	2
Carabidae					
<i>Abax ovalis</i>	2	3	1	0	0
<i>Abax parallelepipedus</i>	2	3	4	3	10
<i>Abax parallelus</i>	3	1	2	1	3
<i>Anisodactylus signatus</i>	1	0	0	0	2
<i>Calathus fuscipes</i>	1	0	0	0	1
<i>Carabus auronitens</i>	2	3	4	4	6
<i>Carabus cancellatus</i>	1	0	0	0	2
<i>Carabus coriaceus</i>	2	4	3	2	6
<i>Carabus granulatus</i>	2	2	1	0	0
<i>Carabus intricatus</i>	2	0	0	0	1
<i>Carabus nemoralis</i>	3	2	2	1	3
<i>Carabus problematicus</i>	3	3	0	0	3
<i>Carabus scheidleri</i>	1	5	0	2	2
<i>Carabus sylvestris</i>	2	1	1	0	0
<i>Carabus violaceus</i>	3	2	0	1	2
<i>Cychrus attenuatus</i>	2	3	1	2	4
<i>Harpalus griseus</i>	1	0	0	0	1
<i>Harpalus rufipes</i>	1	0	0	0	3
<i>Ophonus ardosiacus</i>	1	2	0	1	0

	Habitat	Buttisholz	Flawil	Steinen	Vettheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
<i>Poecilus cupreus</i>	0	0	0	0	1
<i>Pterostichus oblongopunctatus</i>	2	1	0	0	0
<i>Pterostichus fasciatopunctatus</i>	2	0	0	0	1
<i>Pterostichus jurinei</i>	1	0	0	0	3
<i>Pterostichus madidus</i>	3	2	1	0	2
<i>Pterostichus melanarius</i>	1	2	1	0	7
<i>Pterostichus niger</i>	3	1	0	0	3
<i>Zabrus tenebrioides</i>	1	0	0	0	2
Cerambycidae					
<i>Clytus lama</i>	2	0	0	0	1
<i>Molorchus minor</i>	3	1	0	3	2
<i>Monochamus sartor</i>	3	2	0	1	4
<i>Monochamus sutor</i>	3	1	0	0	0
<i>Oxymirus cursor</i>	2	0	0	0	1
<i>Prionus coriarius</i>	3	0	0	0	1
<i>Rhagium bifasciatum</i>	3	3	1	1	2
<i>Rhagium inquisitor</i>	2	0	0	0	1
<i>Rutpela maculata</i>	3	2	0	1	1
<i>Stictoleptura rubra</i>	3	4	0	1	2
<i>Tetropium castaneum</i>	3	3	2	1	4
<i>Tetropium fuscum</i>	2	1	0	0	0
Cleridae					
<i>Opilo mollis</i>	2	1	0	1	1
Elateridae					
<i>Agriotes pilosellus</i>	2	0	0	1	0
<i>Agrypnus murinus</i>	1	2	0	0	3
<i>Ampedus aethiops</i>	0	0	1	0	0
<i>Ampedus balteatus</i>	3	2	0	0	1
<i>Athous subfuscus</i>	2	1	0	0	0
<i>Melanotus sp.</i>	0	10	5	5	10
<i>Stenagostus rhombeus</i>	3	0	0	0	1
Geotrupidae					
<i>Anoplotrupes stercorosus</i>	2	0	0	0	1
Lycidae					
<i>Dictyoptera aurora</i>	2	2	1	1	2
Lymexylidae					
<i>Elateroides dermestoides</i>	3	3	0	1	2
Melandryidae					
<i>Melandrya caraboides</i>	2	0	0	0	1
<i>Serropalpus barbatus</i>	3	0	3	2	3
Oedemeridae					
<i>Nacerdes carniolica</i>	3	10	4	7	11
<i>Oedemera femorata</i>	3	1	0	1	1
<i>Oedemera nobilis</i>	2	1	0	1	0
Peltidae					
<i>Peltis ferruginea</i>	2	1	0	0	1

	Habitat	Buttischholz	Flawil	Steinen	Veltheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
Pyrochroidae					
<i>Pyrochroa coccinea</i>	3	0	0	1	0
Scarabaeidae					
<i>Amphimallon solstitiale</i>	3	1	0	0	6
<i>Phyllopertha horticola</i>	1	1	0	0	0
Staphylinidae					
<i>Ocypus olens</i>	1	0	2	0	1
<i>Ocypus tenebricosus</i>	2	0	1	0	3
<i>Philonthus cognatus</i>	0	1	0	0	1
Dermaptera					
Forficulidae					
<i>Chelidura guentheri</i>	2	0	0	2	0
<i>Forficula auricularia-A</i>	0	0	0	0	1
Diptera					
Bombyliidae					
<i>Bombylius major</i>	0	0	0	1	0
Limoniidae					
<i>Epiphragma ocellare</i>	2	2	1	1	0
Tipulidae					
<i>Dictenidia bimaculata</i>	2	0	0	1	0
<i>Tipula scripta</i>	2	0	0	1	0
Hemiptera					
Aphrophoridae					
<i>Aphrophora alni</i>	2	1	0	0	0
Pentatomidae					
<i>Carpocoris fuscispinus</i>	2	1	0	0	0
<i>Palomena prasina</i>	3	1	0	0	2
<i>Pentatoma rufipes</i>	2	0	0	0	1
<i>Peribalus sp.</i>	2	1	0	0	0
Hymenoptera					
Andrenidae					
<i>Andrena lapponica</i>	2	0	0	0	1
<i>Andrena lathyri</i>	1	0	0	1	0
<i>Andrena pilipes</i>	1	0	0	1	0
Apidae					
<i>Bombus terrestris</i>	0	3	1	1	3
Colletidae					
<i>Colletes daviesanus</i>	1	1	0	0	0
Crabronidae					
<i>Ectemnius cavifrons</i>	3	5	1	0	3
<i>Ectemnius ruficornis</i>	0	0	0	0	1
Formicidae					
<i>Camponotus herculeanus</i>	2	0	0	0	1
Halictidae					
<i>Halictus scabiosae</i>	0	1	0	0	0
Ichneumonidae					

	Habitat	Buttischholz	Flauwil	Steinen	Veltheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
<i>Echthrus reluctator</i>	2	2	0	0	1
<i>Lissonota proxima</i>	0	0	0	1	0
Megachilidae					
<i>Megachile versicolor</i>	3	0	0	0	1
Myrmosidae					
<i>Myrmosa atra</i>	0	1	0	1	0
Pamphiliidae					
<i>Cephalcia arvensis</i>	2	0	0	0	1
Philanthidae					
<i>Cerceris arenaria</i>	1	1	0	0	0
<i>Cerceris rybyensis</i>	1	1	0	0	0
Pompilidae					
<i>Aporus unicolor</i>	1	4	0	0	2
<i>Priocnemis perturbator</i>	2	1	0	1	0
Siricidae					
<i>Urocerus gigas</i>	2	1	0	0	1
<i>Xeris pallicoxae</i>	2	1	0	3	1
Tenthredinidae					
<i>Rhogogaster viridis</i>	1	1	2	3	0
Vespidae					
<i>Ancistrocerus nigricornis</i>	1	3	0	1	1
Lepidoptera					
Adelidae					
<i>Nematopogon swammerdamella</i>	2	0	0	0	1
<i>Nemophora degeerella</i>	2	1	3	0	1
<i>Nemophora scopolii</i>	2	1	1	0	0
Coleophoridae					
<i>Coleophora currucipennella</i>	2	1	0	0	0
<i>Coleophora flavipennella</i>	2	1	0	0	0
<i>Coleophora laricella</i>	2	1	0	1	0
<i>Coleophora spinella</i>	2	1	0	0	0
Cossidae					
<i>Cossus cossus</i>	0	0	0	0	1
Crambidae					
<i>Agriphila geniculea</i>	1	1	0	0	0
<i>Agriphila straminella</i>	1	0	0	0	1
<i>Anania hortulata</i>	0	1	0	0	0
<i>Catoptria falsella</i>	0	2	0	1	2
<i>Catoptria verellus</i>	2	1	0	0	5
<i>Chrysoteuchia culmella</i>	1	4	1	1	2
<i>Crambus ericella</i>	0	3	0	0	3
<i>Crambus lathoniellus</i>	1	2	0	2	4
<i>Crambus perllella</i>	1	1	0	0	0
<i>Eudonia lacustrata</i>	2	3	1	0	1
<i>Eudonia mercurella</i>	0	0	1	0	0
<i>Ostrinia nubilalis</i>	1	1	0	0	0

	Habitat	Buttischholz	Flauwil	Steinen	Veltheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
<i>Pediasia luteella</i>	1	0	0	0	1
<i>Pyrausta despicata</i>	1	0	0	0	1
<i>Pyrausta purpuralis</i>	1	1	0	0	0
<i>Scoparia basistrigalis</i>	0	2	0	0	0
<i>Scoparia conicella</i>	0	1	0	0	0
<i>Scoparia pyralella</i>	1	1	0	0	0
<i>Scoparia subfusca</i>	0	1	0	0	0
Depressariidae					
<i>Depressaria badiella</i>	1	1	0	0	0
<i>Semioscopis steinkellneriana</i>	2	0	0	0	1
Erebidae					
<i>Lymantria dispar</i>	2	2	1	0	0
<i>Rivula sericealis</i>	0	1	0	0	0
Gelechiidae					
<i>Brachmia blandella</i>	3	0	0	1	0
<i>Exoteleia dodecella</i>	2	1	0	0	0
<i>Stenolechiodes pseudogemmellus</i>	2	1	0	0	0
<i>Teleiodes luculella</i>	2	1	0	1	1
Geometridae					
<i>Agriopis aurantiaria</i>	2	3	0	1	0
<i>Campaea margaritaria</i>	2	0	0	0	1
<i>Epirrita christyi</i>	2	0	1	0	0
<i>Erannis defoliaria</i>	2	0	0	1	0
<i>Eupithecia abbreviata</i>	2	2	2	1	3
<i>Paradarisa consonaria</i>	2	1	0	0	1
Hepialidae					
<i>Triodia sylvina</i>	0	2	1	1	0
Incurvariidae					
<i>Incurvaria mascullella</i>	2	1	0	0	0
Lycaenidae					
<i>Aricia agestis</i>	1	3	1	1	0
<i>Polyommatus icarus</i>	1	1	0	0	0
Noctuidae					
<i>Acronicta rumicis</i>	0	2	0	0	1
<i>Actinotia polyodon</i>	1	0	0	0	2
<i>Agrotis exclamationis</i>	1	0	0	0	1
<i>Agrotis ipsilon</i>	1	1	0	0	0
<i>Amphipyra berbera</i>	2	1	1	4	0
<i>Amphipyra pyramidea</i>	2	3	1	2	0
<i>Apamea anceps</i>	1	0	0	1	0
<i>Apamea monoglypha</i>	0	7	0	0	2
<i>Autographa gamma</i>	0	3	2	1	2
<i>Axylia putris</i>	1	0	0	1	0
<i>Cosmia trapezina</i>	2	1	0	0	0
<i>Lacanobia oleracea</i>	0	2	0	2	0
<i>Mesapamea secalis</i>	1	0	0	1	0

	Habitat	Buttischholz	Flawil	Steinen	Veltheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
<i>Mythimna albipuncta</i>	0	1	0	0	0
<i>Noctua pronuba</i>	0	2	1	2	1
<i>Oligia strigilis</i>	1	1	0	2	2
<i>Orthosia cerasi</i>	2	3	0	0	0
<i>Rusina ferruginea</i>	0	1	0	0	0
<i>Xestia c-nigrum</i>	0	0	1	0	0
<i>Xestia xanthographa</i>	1	2	1	2	0
Nolidae					
<i>Meganola strigula</i>	2	1	0	0	0
Nymphalidae					
<i>Melitaea diamina</i>	0	1	0	0	0
<i>Speyeria aglaja</i>	0	0	0	0	1
Oecophoridae					
<i>Denisia similella</i>	2	0	1	0	1
<i>Harpella forcicella</i>	2	6	1	1	4
Pieridae					
<i>Pieris rapae</i>	0	1	0	0	0
Plutellidae					
<i>Plutella xylostella</i>	0	2	1	1	0
Pyralidae					
<i>Aphomia zelleri</i>	0	1	0	0	0
<i>Pyralis farinalis</i>	1	1	0	0	0
Tineidae					
<i>Euplocamus anthracinalis</i>	2	2	0	1	0
<i>Nemapogon cloacella</i>	2	3	2	3	2
Tortricidae					
<i>Agapeta hamana</i>	0	3	0	0	2
<i>Ancylis mitterbacheriana</i>	2	1	2	2	0
<i>Archips crataegana</i>	2	1	0	0	0
<i>Archips podana</i>	0	1	0	0	0
<i>Archips rosana</i>	0	2	0	0	1
<i>Archips xylosteana</i>	2	5	2	2	5
<i>Celypha lacunana</i>	1	2	0	0	0
<i>Cnephasia asseclana</i>	0	4	2	0	0
<i>Cnephasia communana</i>	0	1	0	0	1
<i>Cnephasia genitalana</i>	0	2	0	0	0
<i>Cnephasia incertana</i>	2	1	0	2	0
<i>Cnephasia stephensiana</i>	1	2	0	1	1
<i>Cydia fagiglandana</i>	2	1	1	3	1
<i>Epagoge grotiana</i>	2	1	0	0	0
<i>Eucosma balatonana</i>	0	2	0	0	1
<i>Isotrias rectifasciana</i>	2	0	0	1	0
<i>Olethreutes arcuella</i>	2	0	1	1	0
<i>Pammene trauniana</i>	2	1	0	0	0
<i>Pandemis cerasana</i>	2	1	0	0	0
<i>Pandemis corylana</i>	2	0	0	0	2

	Habitat	Buttischholz	Flawil	Steinen	Veltheim
Anzahl Mischproben		14	7	7	13
<i>Ptycholoma lecheana</i>	2	1	0	0	0
<i>Zeiraphera isertana</i>	2	1	0	0	0
Yponomeutidae					
<i>Yponomeuta cagnagella</i>	2	1	0	0	0
Ypsolophidae					
<i>Ypsolopa parenthesella</i>	2	0	0	0	1
<i>Ypsolopa ustella</i>	2	1	0	0	0
Mecoptera					
Panorpidae					
<i>Panorpa germanica</i>	2	0	1	0	0
Neuroptera					
Chrysopidae					
<i>Nineta pallida</i>	2	1	0	2	2
Orthoptera					
Acrididae					
<i>Chorthippus albomarginatus</i>	1	2	0	0	0
<i>Chorthippus apricarius</i>	1	0	1	0	0
<i>Chorthippus biguttulus</i>	1	5	4	3	1
<i>Chorthippus brunneus</i>	1	0	1	0	0
<i>Chorthippus dichrous</i>	1	3	0	0	0
<i>Chorthippus mollis</i>	1	0	2	2	1
<i>Chorthippus montanus</i>	1	8	5	1	3
<i>Chorthippus parallelus</i>	1	9	6	1	4
<i>Omocestus haemorrhoidalis</i>	1	1	0	0	0
<i>Omocestus viridulus</i>	1	3	2	0	3
<i>Stethophyma grossum</i>	1	1	1	0	0
Gryllidae					
<i>Gryllus campestris</i>	1	2	0	2	3
Gryllotalpidae					
<i>Gryllotalpa gryllotalpa</i>	1	2	0	0	0
Tettigoniidae					
<i>Isophya kraussii</i>	1	0	0	1	0
<i>Phaneroptera falcata</i>	0	1	0	0	0
Raphidioptera					
Raphidiidae					
<i>Phaeostigma notatum</i>	2	3	1	5	1
<i>Raphidia ophiopsis</i>	2	0	0	2	0
Trichoptera					
Limnephilidae					
<i>Stenophylax permistus</i>	2	0	1	0	0
Malacostraca					
Isopoda					
Trachelipodidae					
<i>Trachelipus ratzeburgii</i>	2	0	0	0	1
Arten pro Wochenstube		155	65	87	114

Anhang C – Stichprobenübersicht

Standort	Datum	Artanzahl	Reads	Shannon	Fremd-DNA
Buttisholz	13.05.2019	8	2954	2.08	
Buttisholz	23.05.2019	13	508	2.57	
Buttisholz	30.05.2019	11	278	2.40	
Buttisholz	03.06.2019	17	1106	2.83	
Buttisholz	12.06.2019	19	706	2.94	
Buttisholz	21.06.2019	60	3791	4.23	1, 3
Buttisholz	06.07.2019	12	420	2.49	
Buttisholz	09.07.2019	36	2720	3.64	1
Buttisholz	17.07.2019	16	639	2.77	3
Buttisholz	21.07.2019	39	2169	3.71	1
Buttisholz	29.07.2019	16	970	2.83	
Buttisholz	08.08.2019	14	3792	2.71	
Buttisholz	13.08.2019	11	314	2.49	1
Buttisholz	22.08.2019	23	1622	3.14	
Flawil	08.06.2019	31	1349	3.50	1, 2, 3
Flawil	21.06.2019	15	409	2.77	
Flawil	09.07.2019	7	93	1.95	
Flawil	23.07.2019	14	733	2.71	
Flawil	09.08.2019 (f)	16	3743	2.77	
Flawil	09.08.2019 (a)	8	2698	2.08	
Flawil	23.08.2019	14	763	2.64	
Steinen	24.05.2019	22	1527	3.18	1, 3
Steinen	04.06.2019	31	1004	3.43	1
Steinen	26.06.2019	16	409	2.83	1, 2, 3
Steinen	04.07.2019	30	678	3.53	3
Steinen	10.07.2019	14	947	2.77	1
Steinen	17.07.2019	3	96	1.10	
Steinen	24.07.2019	18	1185	2.89	
Veltheim	10.06.2010	15	1219	2.77	
Veltheim	16.06.2019	12	734	2.49	
Veltheim	24.06.2019	18	2966	2.94	
Veltheim	30.06.2019	21	7092	3.05	
Veltheim	08.07.2019	15	852	2.71	
Veltheim	15.07.2019	13	1004	2.57	
Veltheim	21.07.2019	20	1380	3.00	
Veltheim	28.07.2019	25	3576	3.22	
Veltheim	04.08.2019	23	1887	3.14	
Veltheim	10.08.2019	18	1586	2.89	2
Veltheim	17.08.2019	22	2376	3.09	
Veltheim	25.08.2019	14	901	2.64	
Veltheim	01.09.2019	27	1692	3.37	1

Pipistrellus pipistrellus	1
Plecotus auritus	2
Myotis daubentonii	3

Anhang D: ANOVA-Testergebnisse und Beta-Diversität

Die Ergebnisse des ANOVA-Tests und die Beta-Diversität gemäss Whittaker. WS = Wochenstube, W = Waldarten, O = Offenlandarten, Col. = Coleoptera, Lep. = Lepidoptera, Ort. = Orthoptera, Hym. = Hymenoptera, Whit. = Beta-Diversität gemäss Whittaker.

WS 1	WS 2	W	O	Col.	Lep.	Ort.	Hym.	Whit.
Flawil	Buttisholz	0.88	0.73	0.94	0.47	0.89	0.24	0.55
Steinen	Buttisholz	0.94	0.78	1	0.76	0.32	1	0.46
Veltheim	Buttisholz	0.98	0.76	0.09	0.41	0.07	0.76	0.47
Steinen	Flawil	0.68	1	0.98	0.97	0.16	0.36	0.48
Veltheim	Flawil	0.7	1	0.06	1	0.04	0.7	0.58
Veltheim	Steinen	1	1	0.16	0.99	0.98	0.85	0.53

Selbstständigkeitserklärung

Mit der Abgabe dieser Bachelorarbeit versichert die Studierende, dass sie die Arbeit selbstständig und ohne fremde Hilfe verfasst hat.

Die unterzeichnende Studierende erklärt, dass alle verwendeten Quellen (auch Internetseiten) im Text oder Anhang korrekt ausgewiesen sind, d.h. dass die Bachelorarbeit keine Plagiate enthält, also keine Teile, die teilweise oder vollständig aus einem fremden Text oder einer fremden Arbeit unter Vorgabe der eigenen Urheberschaft bzw. ohne Quellenangabe übernommen worden sind.

Bei Verfehlungen aller Art treten Paragraph 39 und Paragraph 40 der Rahmenprüfungsordnung für die Bachelor- und Masterstudiengänge an der Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften vom 29. Januar 2008 sowie die Bestimmungen der Disziplinarmaßnahmen der Hochschulordnung in Kraft.

Ort, Datum

Unterschrift

Wädenswil, 31. Juli 2020

A solid black rectangular box used to redact the signature of the student.