

DIPLOMARBEIT / DIPLOMA THESIS

Titel der Diplomarbeit / Title of the Diploma Thesis

Die antimikrobielle Aktivität
des Fangschleims in *Drosera spp.*

verfasst von / submitted by

Corina Schneeweis

angestrebter akademischer Grad / in partial fulfilment of the requirements for the degree of
Magistra der Pharmazie (Mag. pharm.)

Wien, 2022 / Vienna, 2022

Studienkennzahl lt. Studienblatt /
degree programme code as it appears on
the student record sheet:

UA 449

Studienrichtung lt. Studienblatt /
degree programme as it appears on
the student record sheet:

Diplomstudium Pharmazie

Betreut von / Supervisor:

ao. Univ.-Prof. Mag. Dr. Ingeborg Lang

Mitbetreut von / Co-Supervisor:

Mag. Mag. Dr. Marianne Koller-Peroutka

Danksagung

Danke an meine Betreuerin Ingeborg Lang, die die Bearbeitung dieses spannenden Themas ermöglicht hat. Danke außerdem für diese erfrischend unkomplizierte Zusammenarbeit.

Danke an Manfred Edlinger und Robert Wessely von der Höheren Bundeslehr- und Forschungsanstalt für Gartenbau und den Bundesgärten Schönbrunn, die die Versuchspflanzen zur Verfügung gestellt haben. Danke an Andreas Schröfl und Thomas Joch, die sich im Glashaus des Biologiezentrums der Universität Wien bestens um diese Pflanzen gesorgt haben.

Danke an das Team der Core Facility Cell Imaging und Ultrastructure Research der Universität Wien, vor allem an Brigitte Schmidt, die mich mit Rat und Tat am Mikroskop unterstützt hat.

Danke an meine beste Schwester, danke an meinen besten Schwager, danke an meinen Fanclub, der mich nicht aufgeben hat lassen und mich die letzten Meter bis zum Ziel getragen hat.

Zuletzt möchte ich Marianne Koller-Peroutka und Wolfram Adlassnig erwähnen. Euch gebührt der größte Dank, auch wenn keine Worte dieser Welt jemals dafür genügen werden.

Inhaltsverzeichnis

1	Abstract	5
2	Zusammenfassung	6
3	Einleitung.....	7
3.1	Die Gattung <i>Drosera</i>	7
3.2	Fangschleim	7
3.3	<i>Drosera</i> in der Pharmazie	9
3.3.1	Inhaltsstoffe, Wirkung und Anwendung.....	10
4	Fragestellung.....	11
5	Material und Methoden	12
5.1	Pflanzenmaterial.....	12
5.2	Schätzung der Stichprobengröße	12
5.3	Aufbau der Versuchsserie.....	14
5.3.1	Hefe-Bakteriensuspension.....	14
5.4	Fangschleim der <i>Drosera</i> -Tentakel auf Nährböden.....	16
5.5	Fluoreszenzmikroskopie der Keime im <i>Drosera</i> -Schleim	17
5.6	Datenanalyse.....	18
6	Ergebnisse.....	19
6.1	Auswertung der Agarplatten	19
6.1.1	Bakterien (Tetracyclin-sensitive Mikroorganismen).....	19
6.1.2	Hefen.....	21
6.1.3	Bakterien und Hefen	23
6.1.4	Hyphenbildende Pilze	25
6.2	Auswertung der Fluoreszenzmikroskopie	27
6.3	Anteil kultivierbarer Mikroorganismen	30
7	Diskussion	31
7.1	Stand der Forschung	31
7.2	Keimzahlen im unbehandelten Zustand.....	31
7.3	Keimzahl nach Inokulation	33
7.4	Mikroflora von <i>Drosera</i> im Vergleich zu <i>Nepenthes</i>	36
7.5	Kulturmethode vs. Fluoreszenzfärbung.....	37
7.6	Zusammenfassung und Ausblick	38
8	Literaturverzeichnis.....	39
9	Anhang	42
9.1	Daten der Agarplatten.....	42

9.2	Daten der Fluoreszenzmikroskopie	44
9.3	Statistische Dokumentation	45

Abkürzungsverzeichnis

CUs	Countable Units = Zählbare Einheiten
<i>D.</i>	<i>Drosera</i>
DiOC ₆ (3)	3,3'-Dihexyloxacarbocyaniniodid
MW-Test	Mann-Whitney Test
PBS	Phosphate-buffered saline = Phosphatgepufferte Salzlösung
PCA	Plate Count Agar
PSI	Plant specific insert

1 Abstract

Drosera is a genus of carnivorous plants, with adhesive traps which is used in pharmacy due to its antimicrobial properties. It is still unclear which chemical compounds are responsible for this effect, where in the plant these compounds are localised, and if there are relevant differences between known species of *Drosera*. This study investigates the antimicrobial properties of the trapping mucilage in *Drosera madagascariensis* and *Drosera oblancheolata*.

Cell counts were determined by fluorescent staining *in vivo* with DiOC₆(3) and by cultivation on Plate-Count-Agar, whereby bacteria, yeasts and mould were distinguished. Plants were studied both without treatment and after inoculation with a suspension of intestinal bacteria and *Saccharomyces cerevisiae*. This study was powered to detect a difference in cultivable cells between the two species before treatment.

The cell count in *Drosera madagascariensis* was higher than in *Drosera oblancheolata*. This difference was exclusively caused by non-cultivable microbes. Only a tiny minority of microbes could be cultivated.

Inoculation of the trapping mucilage with bacteria and yeasts resulted in a distinct but not necessarily significant increase in cell counts which, however, decreased again over one week, sometimes even below the baseline value. Cultivation experiments suggest that some of the inoculated cells perish within less than 15 minutes though they can be still detected by fluorescence microscopy, especially in *Drosera oblancheolata*.

All Droseaceae are known to produce antimicrobial compounds, however, the effects differ significantly between species, which are most likely caused by quantitative and qualitative differences between antimicrobial compounds, caused by different ecological pressures.

Keywords: adhesive trap, trapping mucilage, *Drosera oblancheolata*, *Drosera madagascariensis*, fluorescence staining, plate count agar, cell count;

2 Zusammenfassung

Drosera ist eine Gattung karnivorer Klebfallenpflanzen, die, unter anderem wegen ihrer antimikrobiellen Wirkung, pharmazeutisch verwendet wurde. Dabei ist teilweise unklar, welche Inhaltsstoffe für die Wirkung verantwortlich sind, in welchen Teilen der Pflanze sie zu finden sind, und ob sich die bekannten Arten bezüglich ihrer Wirkung unterscheiden. Diese Arbeit untersucht die antimikrobielle Wirkung des Fangschleims in *Drosera madagascariensis* und *Drosera oblancheolata*.

Die Keimzahl wurde mittels Fluoreszenzfärbung mit DiOC₆(3) und durch Kultur auf Plate-Count-Agar bestimmt, dabei wurde zwischen Bakterien, Hefen und Schimmelpilzen differenziert. Untersucht wurden sowohl unbehandelte Pflanzen als auch Pflanzen nach Inokulation mit Darmbakterien und *Saccharomyces cerevisiae*. Die Stichprobengröße ermöglichte den Nachweis eines Unterschiedes der Gesamtzahl kultivierbarer Keime zwischen den beiden Arten.

Die Keimzahl im Fangschleim von *Drosera madagascariensis* ist höher als in *Drosera oblancheolata*. Dieser Unterschied ist ausschließlich auf nicht kultivierbare Mikroorganismen zurückzuführen. Nur ein sehr geringer Anteil der Mikroorganismen ist kultivierbar.

Die Inokulation des Fangschleims mit der Bakterien- und Hefesuspension führt zu einem deutlichen, aber nicht immer signifikanten Anstieg der Keimzahl, der im Verlauf einer Woche, teilweise sogar unter den Ausgangswert, wieder absinkt. Die Kulturversuche lassen vermuten, dass einige inokulierte Zellen bereits innerhalb von 15 Minuten absterben, obwohl sie mikroskopisch noch nachweisbar sind. Dieser Effekt tritt besonders bei *Drosera oblancheolata* auf.

Auch wenn alle Droseraceen antimikrobielle Substanzen bilden, unterscheidet sich die antimikrobielle Wirkung unter den Arten. Als Ursache kommen unterschiedliche keimhemmende Substanzen in Abhängigkeit von den unterschiedlichen Habitaten in Frage.

Schlagerworte: Klebfalle, Fangschleim, *Drosera oblancheolata*, *Drosera madagascariensis*, Fluoreszenzfärbung, Plate Count Agar, Keimzahlbestimmung;

3 Einleitung

3.1 Die Gattung *Drosera*

Die Gattung *Drosera*, der Sonnentau, umfasst karnivore Pflanzen mit beweglichen (aktiven) Klebfallen. *Drosera* zählt wie die Gattungen *Aldrovanda* und *Dionaea* zur Familie der *Droseraceae*. *Aldrovanda* und *Dionaea* sind ebenfalls karnivore Gattungen, fangen ihre Beute jedoch mit Klappfallen (Barthlott *et al.*, 2004; Williams *et al.*, 1994).

Die Gattung *Drosera* ist nach neuesten Daten die größte Gattung karnivorer Pflanzen mit zumindest 250 Arten, noch vor *Utricularia* (Familie Lentibulariaceae) mit mehr als 230 Arten (Fleischmann *et al.*, 2018). Sie kommt fast weltweit vor, mit der höchsten Artendichte in Australien (D'Amato, 1998). Meist bevorzugt die Gattung saisonal feuchte Sandflächen, besiedelt aber auch Moore und Sümpfe (Barthlott *et al.*, 2004).

Die Sonnentaugewächse bilden aufrechte Kräuter, Rosetten- und Kletterpflanzen aus. Die eigentlichen Fangstrukturen befinden sich auf dem Blatt, das spezielle multizelluläre Drüsen, die sogenannten Tentakel, besitzt, die an ihrer Spitze einen Fangschleim bilden (Braem, 2002; Peroutka *et al.*, 2008; Adlassnig *et al.*, 2010a).

3.2 Fangschleim

Die Blattspreite ist mit zahlreichen Emergenzen, den Tentakeln, besetzt. An der Spitze des Drüsenköpfchens dieser mehrzelligen, gestielten Drüsen wird ein klebriger Fangschleim abgesondert, mit dessen Hilfe die Beute angelockt, gefangen und schließlich erstickt wird (Braem, 2002, Barthlott *et al.*, 2004).

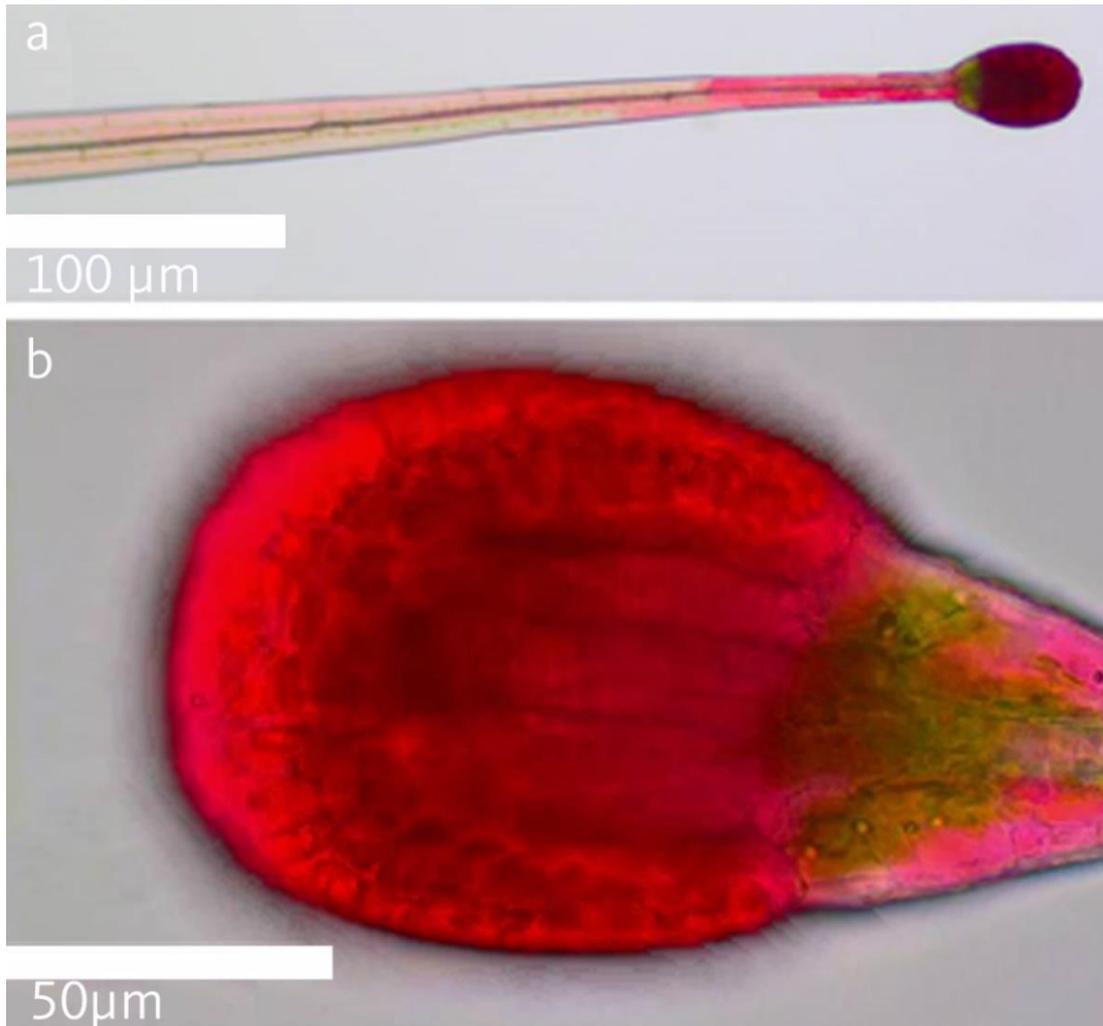


Abb. 1: a: Tentakelstiel mit Tentakelköpfchen bei *Drosera* sp.; b: Detail Tentakelköpfchen

Der Schleim ist eine schwach saure (pH 5), hochviskose Lösung von verschiedenen Inhaltsstoffen in Wasser. Anorganische Inhaltsstoffe umfassen bei *D. capensis* Kalzium, Magnesium, Kalium und Natrium (Rost & Schlauer, 1977). Polysaccharide aus Arabinose, Xylose, Galactose, Mannose und Glucuronsäure sind mit Methylestern, Alkylketten und myo-Inositol verknüpft, die für die einzigartigen Klebeeigenschaften des Fangschleims verantwortlich sein sollen (Gowda *et al.*, 1982; Gowda *et al.*, 1983; Adlassnig *et al.*, 2010a; Kokubun, 2017). Enzyme wie Esterasen, Phosphatasen, Ribonucleasen, Chitinasen und Peptidasen dienen der Verdauung (Barthlott *et al.*, 2004; Peroutka *et al.*, 2008). Proteasen wie Droserasin, können außerdem das mikrobielle Wachstum hemmen, mit biologischen Membranen interagieren und die Größe von Lipidvesikel beeinflussen (Sprague-Piercy *et al.*, 2020). Die

meisten stickstoff- oder phosphorhaltigen Makromoleküle der Beute können somit in wasserlösliche, gut pflanzenverfügbare Bruchstücke aufgespalten werden. Die Nährstoffabsorption erfolgt über die Drüsen durch Endocytose, sowie aktive und passive Diffusion (Adlassnig *et al.*, 2012). Anders als bei vielen anderen karnivoren Pflanzen gibt es keine Hinweise, dass Bakterien oder andere Symbionten am Verdauungsprozess beteiligt wären. Angesichts der reichlichen Verfügbarkeit von Nährstoffen und Wasser während der Verdauung liegen somit keimhemmende Eigenschaften des Fangschleims nahe.

3.3 Drosera in der Pharmazie

Drosera rotundifolia L. diente ursprünglich als Stammpflanze für die Arzneidroge *Droserae Herba*. Aufgrund von Moortrockenlegungen kam es zu Problemen bei der Drogenbeschaffung, weshalb verschiedene Monographien (zusammengefasst bei Krenn & Kartnig, 2005) auf die anderen heimischen Arten *Drosera intermedia* HAYN. und *Drosera anglica* HUDS. auswichen. Diese Pflanzen stehen in vielen europäischen Ländern mittlerweile unter strengem Naturschutz und dürfen dort nicht mehr gesammelt werden. Die derzeitigen Hauptbezugsquellen für *Droserae Herba* sind die asiatische *Drosera peltata* THUNB. und auch die in dieser Arbeit verwendete afrikanische *Drosera madagascariensis* DC. (Krenn & Kartnig, 2005). Da aber die Drogenbeschaffung trotzdem nicht vollumfänglich gewährleistet ist, kommt der Sonnentau nur noch selten zum Einsatz. Aktuell gibt es in Österreich keine Fertigarzneimittel [Stand 10. Februar 2022, 13:45 <https://medikamio.com/>], die *Drosera*-Extrakte beinhalten. Die pharmazeutisch verwendeten *Drosera*-Arten unterscheiden sich quantitativ und auch qualitativ in ihrem Wirkstoffspektrum (Krenn & Kartnig, 2005), zudem ist das Extraktionsverfahren häufig kaum nachvollziehbar. Die Vergleichbarkeit der vorliegenden Studien ist daher in der Regel nicht gegeben. Derzeit existieren keine offiziellen Vorschriften zu der Droge, Verfälschungen und Wirkstoffgehalte sind daher nicht klar definiert (Czygan & Hiller, 2002).

In der Monographie aus dem Jahre 1984 der Kommission E, sowie für die *Herba*-Droge, wird die Verwendung der getrockneten ober- und unterirdischen

Teile verschiedener *Drosera*-Arten vorgeschrieben, die tatsächlich verwendeten Arten wurden meistens jedoch nicht angegeben (Czygan & Hiller, 2002). In der Homöopathie werden die frischen ganzen Pflanzen von *Drosera rotundifolia*, *Drosera intermedia* und *Drosera anglica* zu Beginn der Blütezeit für die Herstellung der Urtinktur verwendet. Auch im Homöopathischen Arzneibuch sind die Wirkstoffgehalte nicht vorgeschrieben (Homöopathisches Arzneibuch, 2011).

3.3.1 Inhaltsstoffe, Wirkung und Anwendung

Der Beitrag der einzelnen Inhaltsstoffe ist noch nicht abschließend geklärt, als aktive Bestandteile werden die 1,4 Naphthochinonderivate Droseron, 7-Methyljuglon, Isoshinanolon und Plumbagin vorgeschlagen (Czygan & Hiller, 2002). In *Drosera madagascariensis* sind außerdem die Flavonoidderivate Hyperosid, Isoquercitrin, Quercetin, Myricetin-3-O-galaktosid, Myricetin und das Polyphenol Ellagsäure enthalten (Kolodziej *et al.*, 2002; Krenn & Paper, 2004; Krenn & Kartnig, 2005).

Die Pflanze wirkt spasmolytisch, antitussiv, antianaphylaktisch, antiphlogistisch beziehungsweise antiinflammatorisch, zytostatisch und allgemein antimikrobiell, aber auch antifungal und antibakteriell (Hölzl & Schwarze, 1998; Legendre & Darnowski, 2018). In erster Linie wird der Sonnentau bei Atemwegserkrankungen, insbesondere bei Bronchitis, Krampf- und Reizhusten, eingesetzt (Czygan & Hiller, 2002). Volksmedizinisch wurde mit dem Saft und Krautauszug der *Drosera* Tuberkulose, Epilepsie und Arteriosklerose aber auch Warzen und Hühneraugen behandelt. Eine Tinktur aus frischem Pflanzenmaterial soll aufgrund ihres Enzymgehalts als Verdauungsmittel und bei Völlegefühl wirken (Hölzl & Schwarze, 1998).

4 Fragestellung

Die vorliegenden Daten zur pharmazeutischen Verwendung von *Drosera* an Menschen stammen ausschließlich aus der klinischen Routine. Mangels kontrollierter klinischer Studien liegen keine validen Daten zu den wirksamen Pflanzenteilen beziehungsweise zu den chemischen Inhaltsstoffen vor; auch Unterschiede zwischen den einzelnen *Drosera*-Arten wurden bis jetzt nur unzulänglich charakterisiert.

Die vorliegende Arbeit konzentriert sich ausschließlich auf die antimikrobielle Wirkung des Fangschleims und testet die Hypothese einer unterschiedlichen Wirkung bei zwei ausgewählten *Drosera*-Arten: *Drosera madagascariensis* wächst im tropischen Afrika und ist eine der pharmazeutisch bedeutendsten Arten. *Drosera oblancheolata*, endemisch in Hong Kong, ist *Drosera madagascariensis* morphologisch ähnlich und steht ihr systematisch sehr nahe (Subgenus *Drosera*, Sektion *Drosera*), wächst aber unter völlig anderen ökologischen Verhältnissen (Lowrie & Nunn, 2017).

Das primäre Ziel dieser Diplomarbeit ist der Nachweis des Unterschiedes der mikrobiellen Wirkung des Fangschleims zwischen *Drosera madagascariensis* und *Drosera oblancheolata*.

Die sekundären Ziele sind:

- Um zwischen kultivierbaren und nicht-kultivierbaren Mikroorganismen zu differenzieren, wird eine mikroskopische Fluoreszenzfärbemethode mit konventioneller Kultivierung verglichen.
- Vergleich pro- und eukaryotischer Mikroorganismen.
- Bakterizide/bakteriostatische Wirkung des Fangschleims im Inokulationsversuch.

Zur Erreichung des primären Zieles wurde die erforderliche Stichprobengröße statistisch in Vorversuchen ermittelt.

5 Material und Methoden

5.1 Pflanzenmaterial

Alle getesteten Pflanzen der Arten *Drosera madagascariensis* und *Drosera oblancoolata* wurden von der Botanischen Sammlung der Höheren Bundeslehr- und Forschungsanstalt für Gartenbau und den Österreichischen Bundesgärten Schönbrunn, Wien, Österreich kultiviert. Für den Zeitraum der Vorversuche und der Experimentserie waren alle Versuchspflanzen gemeinsam in Kulturwannen am selben Standort in den Glashäusern des neuen Biozentrums, University of Vienna Biology Building, Djerassiplatz 1, untergebracht. Dort wurden die Pflanzen im Kalthaus unter Starklicht bei hoher Luftfeuchte versorgt.

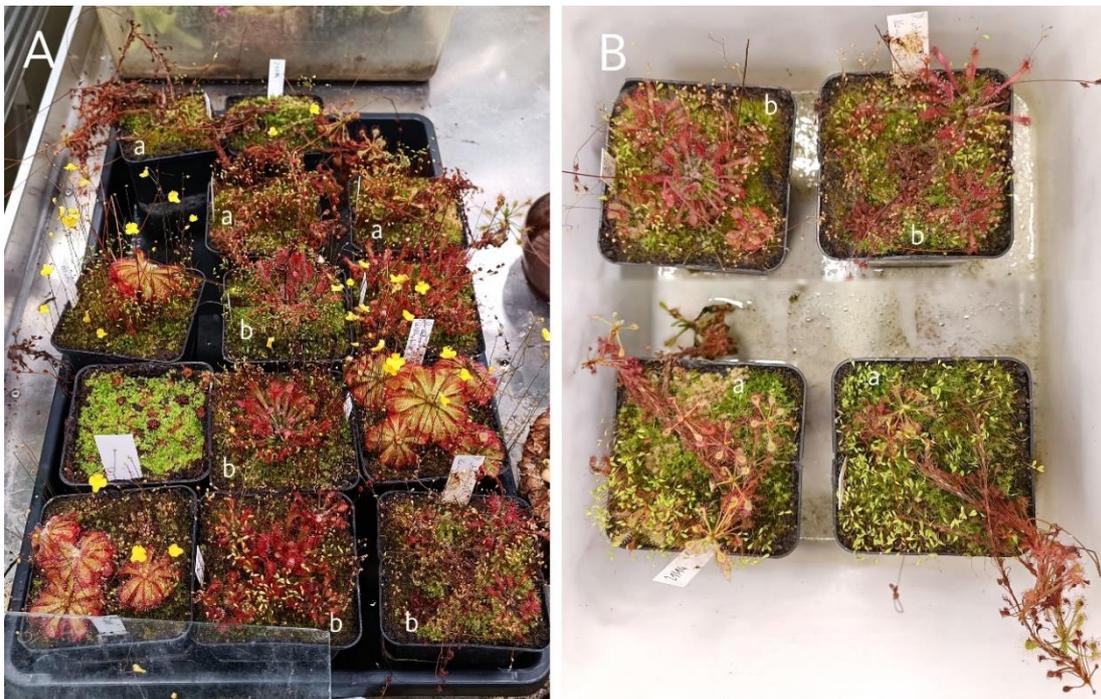


Abb. 2: A: Versuchspflanzen auf dem Kultivierwagen im Glashaus des Vienna Biology Building; B: Testpflanzen in der Transportbox für die Laborversuche; a: *D. madagascariensis*, b: *D. oblancoolata*

5.2 Schätzung der Stichprobengröße

Da die Schleimproduktion als wesentliches Merkmal der vegetativen Fitness der Pflanze entscheidend ist, wurden Vorversuche mit den Arten *Drosera admirabilis*, *Drosera madagascariensis* und *Drosera oblancoolata* gemacht.

Außerdem wurde damit auch die für das Versuchsdesign passende Stichprobengröße ermittelt.

Dafür wurden im ersten Schritt Ausstriche des Schleims eines ganzen *Drosera*-Blattes gelöst in phosphatgepufferter Salzlösung (PBS) auf Plate-Count-Agar-Platten (siehe Kapitel 5.4) gemacht. Im Unterschied zu dem endgültigen Testdesign wurden im Rahmen der Vorversuche auch zehn- und hundertfache Verdünnungen ausplattiert, die sich jedoch aufgrund der geringen Keimzahl als nicht erforderlich erwiesen. Darüber hinaus wurde die absolute Keimzahl *in vivo* mittels Fluoreszenzfärbung (siehe Kapitel 5.5) bestimmt.

Beim Kulturvorversuch wurde zur ersten Schätzung von Mittelwert und Standardabweichung eine Stichprobengröße von drei Wiederholungen pro Art und Ansatz, bei der Fluoreszenzfärbung zehn Wiederholungen pro Art gewählt. Die erforderliche Stichprobengröße wurde sodann unter Annahme einer Normalverteilung mittels des „*power twomeans*“-Befehls von Stata (siehe Kapitel 5.6) auf Basis von Mittelwert und Standardabweichung geschätzt. Gesucht wird jene Stichprobengröße, die einen signifikanten Nachweis ($p < 0,05$) des Unterschiedes der Keimzahlen von *Drosera madagascariensis* und *Drosera oblancheolata* mit einer Power von 80 Prozent ermöglicht. Die für das endgültige Versuchsdesign erforderlichen Stichprobengrößen sind in den Tabellen 1 und 2 zu entnehmen.

Tab 1: Kulturversuch [Kultivierbare Einheiten pro Blatt]

	<i>D. madagascariensis</i>	<i>D. oblancheolata</i>
Mittelwert	533,3	3933,3
Standardabweichung	52,0	515,0
Erforderliche Stichprobengröße	3	3

Tab 2: Fluoreszenz [Angefärbte Zellen pro Tentakel]

	<i>D. madagascariensis</i>	<i>D. oblancheolata</i>
Mittelwert	158,5	445,1
Standardabweichung	136,7	304,5
Erforderliche Stichprobengröße	13	13

Da der Nachweis einer Normalverteilung der Stichproben nicht erbracht wird, wird sicherheitshalber eine größere Stichprobe von $n=20$ gewählt.

5.3 Aufbau der Versuchsserie

Das primäre Studienziel ist der Nachweis von Unterschieden in der Mikroflora des Schleims bei verschiedenen *Drosera*-Arten. Die antimikrobielle Wirkung des Schleims wird zunächst bei unbehandelten Pflanzen aus dem Glashaus untersucht (Versuchsserie T1). Um die Dynamik der antimikrobiellen Wirkung zu testen, wird in einer zweiten Versuchsserie (Versuchsserie T2) eine definierte Konzentration einer Bakterien-Hefesuspension (siehe Kapitel 5.3.1) auf die Pflanze und ihre Blätter gebracht (Inokulation). Dabei wird die Keimzahl auf den Blättern der Pflanze sofort (T2) und nach einer Woche (T3) verglichen, um die Keimzahl im Zeitverlauf zu verfolgen. Die Keimzahl wird dabei mikroskopisch pro Tentakel und über einen Nährboden pro Blatt bestimmt.

Die Messungen der drei Versuchsserien erfolgt somit zu drei Zeitpunkten:

- T1 - Unbehandelt: Die unbehandelten Pflanzen.
- T2 - Behandelt: Die Pflanzen werden mit einer Hefe-Bakteriensuspension eingesprüht (Inokulation) und direkt (≤ 10 Minuten) untersucht.
- T3 - Behandelt (1 Woche): Die behandelten Pflanzen werden nach sieben Tagen im Glashaus ein weiteres Mal untersucht.

Es wurden nur Blätter mit einer deutlichen Schleimbildung beprobt. Zusätzlich wurden folgende Parameter erfasst: Blattfläche (mm^2), durchschnittliche Tentakelanzahl, ob sich Beute auf den Blättern befindet und für die mikroskopischen Untersuchungen, ob die einzelnen Tentakel Schleim gebildet haben.

5.3.1 Hefe-Bakteriensuspension

Für die Inokulation werden die Pflanzen mit einer Suspension aus Darmbakterien (Prokaryoten) und Hefen (Eukaryoten) besprüht. Die Konzentration der Suspension wird so gewählt, dass die im Vorversuch gefundene Keimzahl deutlich überschritten wird, die Auszählbarkeit der

Kolonien beziehungsweise der Zellen aber trotzdem gewährleistet bleibt. Für die Hefesuspension wird ein handelsüblicher Germwürfel (Mautner Markhof Frischgerm, 42 g) und für die Bakteriensuspension MULTIflo[®] Stressmanager (Genericon Pharma) verwendet, welches die in Tabelle 3 angeführten Bakterienstämme enthält.

Tab. 3: Bakterienstämme in MULTIflo[®] Stressmanager

<i>Bifidobacterium bifidum</i> W23	<i>Bifidobacterium breve</i> W25
<i>Bifidobacterium lactis</i> W51	<i>Bifidobacterium longum</i> W108
<i>Lactobacillus acidophilus</i> W22	<i>Lactobacillus casei</i> W56
<i>Lactobacillus plantarum</i> W21	<i>Lactobacillus salivarius</i> W24
<i>Lactobacillus salivarius</i> W57	<i>Lactococcus lactis</i> W19

Angestrebt wird eine Dichte von maximal 100 Kulturen pro Platte. Die Bakteriensuspension enthält $7,5 \cdot 10^9$ Zellen (zuzüglich Hilfsstoffe) pro 3 g Packung; der Germwürfel $1,7 \cdot 10^{10}$ Zellen pro Gramm. Ein Sprühstoß zerstäubt 150 µL, bei einer Entfernung von 10 cm wird eine Fläche von 71 cm² benetzt. Die geschätzte Fläche eines Blattes beträgt 0,25 cm². Somit ergibt sich die folgender Herstellungsprozess: Zunächst werden zwei Stammsuspensionen hergestellt: Hefe-Stammlösung 1 g/L und Bakterien-Stammlösung 3 g/L. Daraus werden 50 ml Sprühsuspension zubereitet: 0,1 ml Hefe-Stammsuspension, 0,25 ml Bakterien-Stammsuspension, 5 ml PBS (Zusammensetzung siehe Tab. 4) und 44,65 ml autoklaviertes Wasser.

Um zu kontrollieren, ob aus der Probesuspension Kolonien wachsen, wird eine 1:200 Verdünnung auf Plate-Count-Agar-Platten aufgesprüht und zwei Tage bei Raumtemperatur (21,5 °C) bebrütet.

Tab. 4: Zusammensetzung PBS pro Liter

Substanz	Menge pro Liter
Natriumchlorid	8,0 g
Kaliumchlorid	0,2 g
Dinatriumhydrogenphosphat	1,44 g
Kaliumdihydrogenphosphat	0,24 g

5.4 Fangschleim der *Drosera*-Tentakel auf Nährböden

In allen Kulturversuchen wird der universell einsetzbare Plate-Count-Agar (Merck-Millipore) verwendet.

Tab. 5: Zusammensetzung Plate-Count-Agar (Merck-Millipore), Spezifikation gemäß ISO 4833, ISO 17410

Caseinpepton	5 g/L
Hefeextrakt	2,5 g/L
Glucose	1 g/L
Agar	9-18 g/L
Wasser	1000 mL/L
pH bei 25 °C	7,0 ± 0,2

Der kommerziell erhältliche Nährboden wird in Wasser suspendiert, der pH-Wert wird mit Natronlauge und Salzsäure eingestellt und der Agar durch Autoklavieren bei 124 °C für 20 Minuten gelöst.

Um etwaige Hefe- von Bakterienkolonien zu unterscheiden, werden zwei Arten von Nährböden hergestellt: Plate-Count-Agar mit und ohne Zusatz eines Breitbandantibiotikums. Dafür werden 20 mg Tetracyclin HCl (Carl Roth) in 100 ml Wasser gelöst. Ein Teil des ausgekühlten PCA wird mit dieser Stammlösung gemischt, um eine Antibiotikakonzentration von 2 mg Tetracyclin HCL in einem Liter Agar zu erhalten.

Pro Petrischale werden ungefähr 15 ml Agar eingefüllt.

20 Blätter je *Drosera*-Art der Zeitpunkte T1, T2 und T3 werden mit jeweils 0,5 ml steriler PBS-Lösung mittels Vortexmischer etwa 30 Sekunden geschüttelt. Von diesen 0,5 ml PBS-Lösung mit Fangschleim werden jeweils 20 µl auf Nährböden mit und ohne Antibiotikazusatz ausplattiert.

Die Platten werden zwei Tage bei Raumtemperatur von 21,5 °C bebrütet, die kultivierbaren Herde anschließend ausgezählt. Da für Nährböden mit und ohne Tetracyclin die gleiche Suspension verwendet wird, kann angenommen werden, dass auf beiden Nährböden die gleiche Anzahl tetracyclinresistenter Hefe wächst. Die Bakterienzahl ergibt sich somit aus der Differenz der Keimzahlen auf Platten mit und ohne Tetracyclin.

Die Blattfläche wird mithilfe eines Millimeterpapiers ausgewertet. Somit können die ausgezählten Herde in Relation zur Blattfläche gestellt und verglichen werden. Hyphenbildende Pilze, in der Folge Schimmel genannt, werden gesondert ausgezählt.

5.5 Fluoreszenzmikroskopie der Keime im *Drosera*-Schleim

Die Fluoreszenzmikroskopie wird an der Core Facility Cell Imaging und Ultrastructure Research (CIUS) der Universität Wien, Mitglied von Vienna Life-Science Instruments (VLSI), durchgeführt.

Für die Untersuchung der Mikroorganismen in den Schleimen der *Drosera*-Tentakel werden je Art und Versuchsreihe jeweils 20 einzelne Tentakel mit sichtbaren, intakten Schleimtröpfchen ausgesucht. Die zuvor gereinigten und autoklavierten Objektträger werden mit einer 12,5 µM DiOC₆(3)-Lösung benetzt und die von dem Blatt abgetrennten Tentakel direkt in die Flüssigkeit gelegt. Nach einer Einwirkzeit von zehn Minuten werden die Tentakel mikroskopiert.

DiOC₆(3) ist ein positiv geladenes Molekül, das durch die Plasmamembran permeiert und diese färben kann. Je nach Konzentration und Membranpotenzial der Zielzellen lagert es sich in den Mitochondrien, dem Endoplasmatischen Retikulum und anderen Zellmembranen an. Somit können lebende, sowohl pro- als auch eukaryotische Organismen detektiert werden (Sabnis *et al.*, 1997).

Die Fluoreszenz der Präparate wird mit einem Lichtmikroskop (Nikon Eclipse Ni) im Fluoreszenzmodus mit der Nikon DS-Ri2 Kamera dokumentiert. Der Farbstoff fluoresziert türkis bis grün, wenn er mit blauem Licht angeregt wird. Das Absorptionsmaximum von DiOC₆(3) in Methanol liegt bei 484 nm, das Emissionsmaximum bei 501 nm (Sabnis *et al.*, 1997). Um den Fluoreszenzfarbstoff nachzuweisen, wird der „FITC“-Filterblock verwendet. Dieser Filter bestrahlt mit einer Wellenlänge zwischen 465 und 495 nm und lässt Emissionen von 512 bis 558 nm durch. Um die Tiefenschärfe zu erhöhen, wird die Realtime Extended Depth of Focus Funktion der NIS-element Software verwendet.

Die angefärbten Mikroorganismen werden anschließend visuell mittels Photoshop CS6 ausgezählt.

5.6 Datenanalyse

Die erhobenen Daten werden statistisch mittels der Software Stata, Version 14.2, ausgewertet und grafisch dargestellt.

Die Analyse ist durch die Verwendung von Do-Files reproduzierbar. Alle verwendeten Befehle, Ergebnisse und gegebenenfalls Kommentare werden in einer Log-File gespeichert. Diese ist im Anhang 9.3 ersichtlich.

Alle erhobenen Werte werden mittels arithmetischen Mittels, Standardabweichung, erste und dritte Quartile, Median und Stichprobengröße zusammengefasst. Da eine Normalverteilung nicht angenommen werden kann, werden sowohl der T-Test als auch nicht-parametrische Tests (Mann-Whitney-Test) zum Nachweis von Unterschieden eingesetzt. $P < 0,05$ wird als signifikant betrachtet, $p < 0,01$ als hoch signifikant und $p \geq 0,05$ und $\leq 0,1$ als borderline nicht signifikant. Die graphische Darstellung erfolgt mittels Boxplots. Da die Werte um mehrere Größenordnungen differieren, wird eine logarithmische Darstellung gewählt. Bei der Auswertung der Agarplatten werden zwei Analysesets gebildet. Das eine umfasst alle vorhandenen Proben, das zweite nur jene ohne Beute. Der Vergleich der beiden Analysesets diene als Sensitivitätsanalyse.

Alle berechneten Kennzahlen sind in Tabellen dargestellt. Im Fließtext wird Mittelwert \pm Standardabweichung sowie das Ergebnis des Mann-Whitney-Test dargestellt.

6 Ergebnisse

Bei den Versuchsserien werden sowohl Blätter mit als auch ohne Beute beprobt. Um eine bessere Vergleichbarkeit zu erzielen, werden jedoch in der statistischen Analyse ausschließlich beutelose Blätter gewertet. Außerdem erfolgt die Auswertung der Keimzahl sowohl pro Blatt als auch pro Blattfläche in Quadratmillimeter, da *Drosera oblancheolata* größere Blätter als *Drosera madagascariensis* besitzt. Für die Korrelation von mikroskopisch erfassten Mikroorganismen und den Kulturen auf den Agarplatten wird die durchschnittliche Tentakelanzahl pro Blatt erfasst.

6.1 Auswertung der Agarplatten

6.1.1 Bakterien (Tetracyclin-sensitive Mikroorganismen)

6.1.1.1 Bakterien pro Blatt

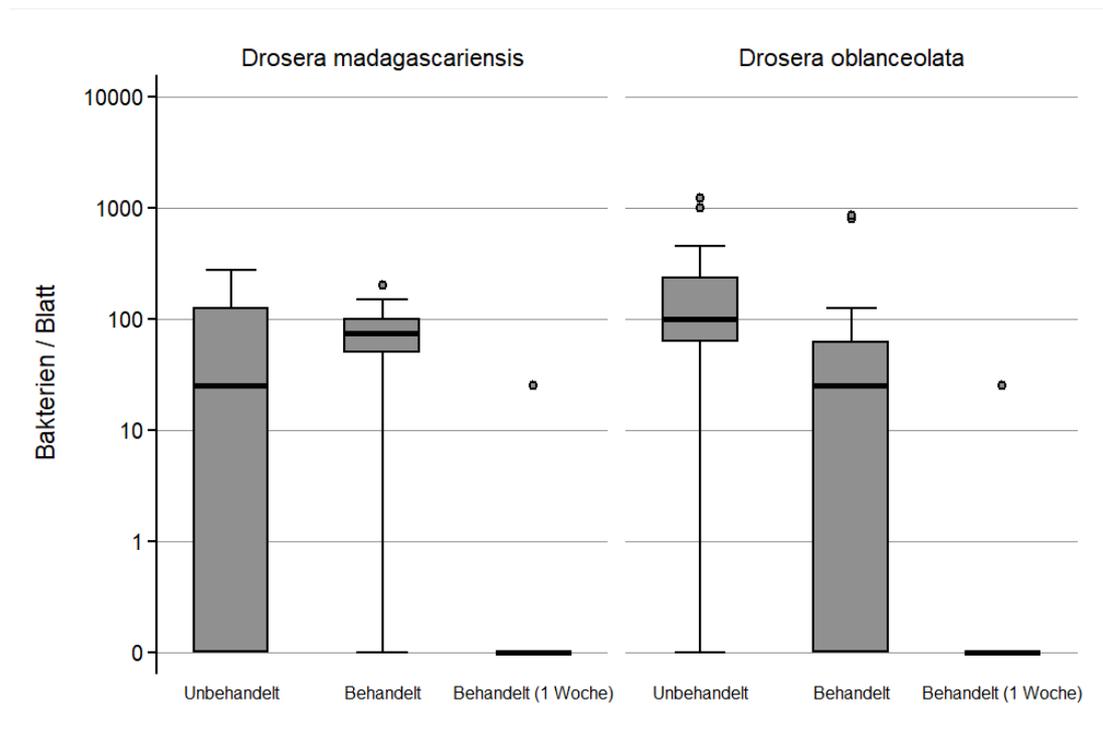


Abb. 3: Gegenüberstellung der beiden Pflanzenarten je nach Behandlung; Bakterien pro Blatt.

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 7) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblancheolata* 231 ± 325 Bakterien pro Blatt. Nach der Inokulation sinkt die Keimzahl auf 125 ± 276 pro Blatt; die Veränderung ist signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl

weiter auf 3 ± 9 . Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* 71 ± 98 Bakterien pro Blatt. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 77 ± 58 pro Blatt; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 3 ± 8 . Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung hoch signifikant.

Der Unterschied zwischen *Drosera oblanceolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 3) ist im unbehandelten Zustand signifikant. Unmittelbar nach der Inokulation ist der Unterschied borderline nicht signifikant. Nach einer Woche ist keine Signifikanz festzustellen.

6.1.1.2 Bakterien pro Quadratmillimeter

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 8) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblanceolata* 6 ± 8 Bakterien pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation sinkt die Keimzahl auf 5 ± 10 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl weiter auf $0,1 \pm 0,3$. Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung hoch signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* 3 ± 4 Bakterien pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 5 ± 4 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf $0,1 \pm 0,3$. Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung hoch signifikant.

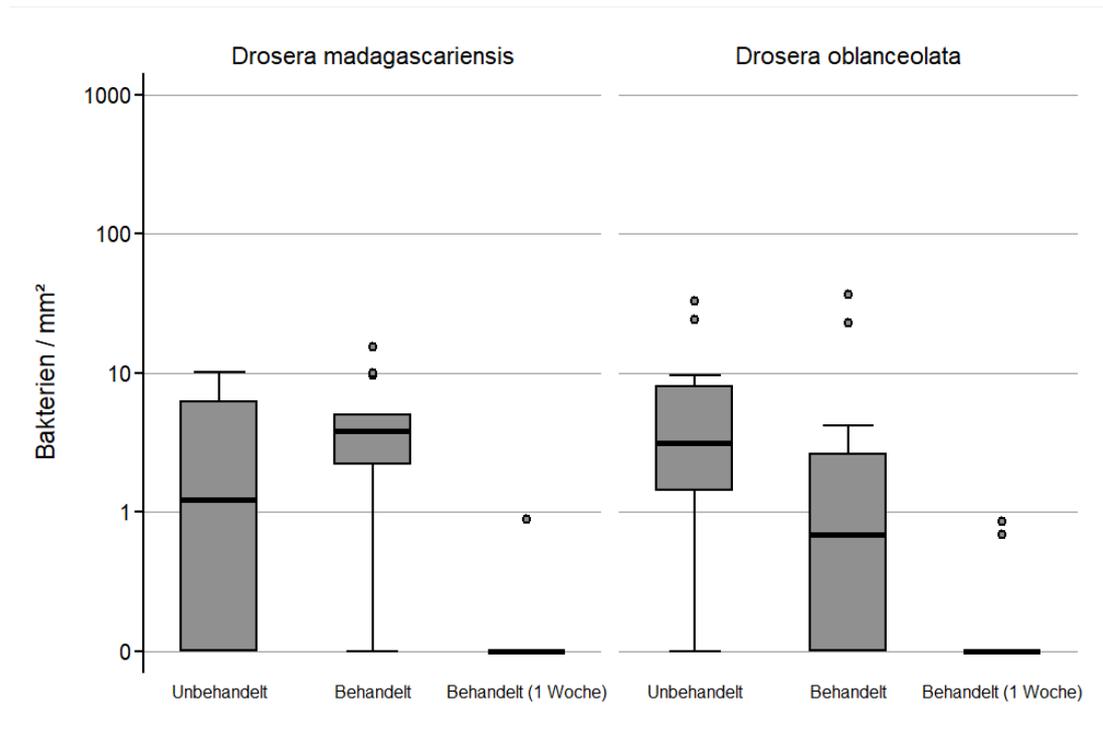


Abb. 4: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Bakterien pro mm²

Der Unterschied zwischen *Drosera oblaneolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 4) pro Quadratmillimeter Blattfläche ist im unbehandelten Zustand nicht signifikant. Unmittelbar nach der Inokulation ist der Unterschied signifikant. Nach einer Woche ist keine Signifikanz festzustellen.

6.1.2 Hefen

6.1.2.1 Hefen pro Blatt

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 7) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblaneolata* 536 ± 1249 Hefen pro Blatt. Nach der Inokulation sinkt die Keimzahl auf 458 ± 1354 pro Blatt; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl weiter auf 247 ± 806 . Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung nicht signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand keine Hefen auf *Drosera madagascariensis*. Nach der Inokulation steigt die Zahl der Kolonien auf 137 ± 265 pro Blatt; die Veränderung ist hoch signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 128 ± 244 . Diese

Veränderung ist im Vergleich zum Ausgangswert signifikant, im Vergleich zum Wert nach der Behandlung jedoch nicht signifikant.

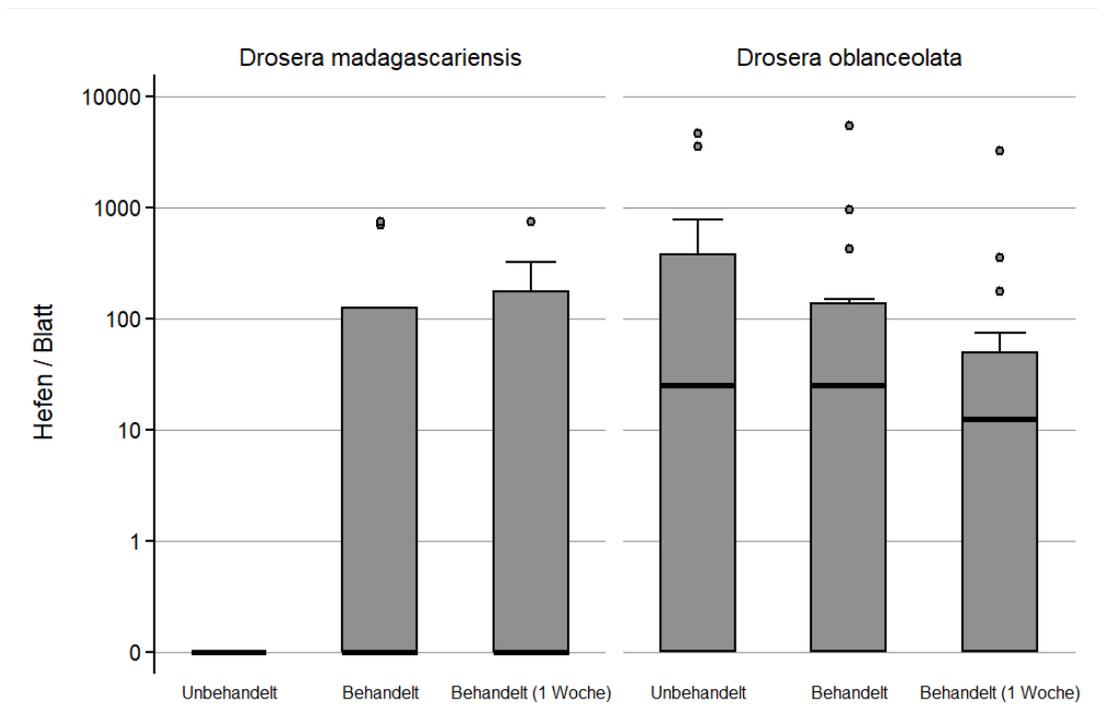


Abb. 5: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Hefen pro Blatt

Der Unterschied der Hefeanzahl zwischen *Drosera oblanceolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 5) pro Blatt ist im unbehandelten Zustand hoch signifikant. Unmittelbar nach der Inokulation ist der Unterschied zwischen den Arten nicht signifikant. Auch nach einer Woche ist keine Signifikanz festzustellen.

6.1.2.2 Hefen pro Quadratmillimeter

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 8) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblanceolata* 13 ± 26 Hefen pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 19 ± 59 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 10 ± 30 . Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung nicht signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* keine Hefe pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation

steigt die Hefeanzahl auf 7 ± 14 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist hoch signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 6 ± 11 . Diese Veränderung ist im Vergleich zum Ausgangswert signifikant, im Vergleich zum Wert nach der Behandlung jedoch nicht signifikant.

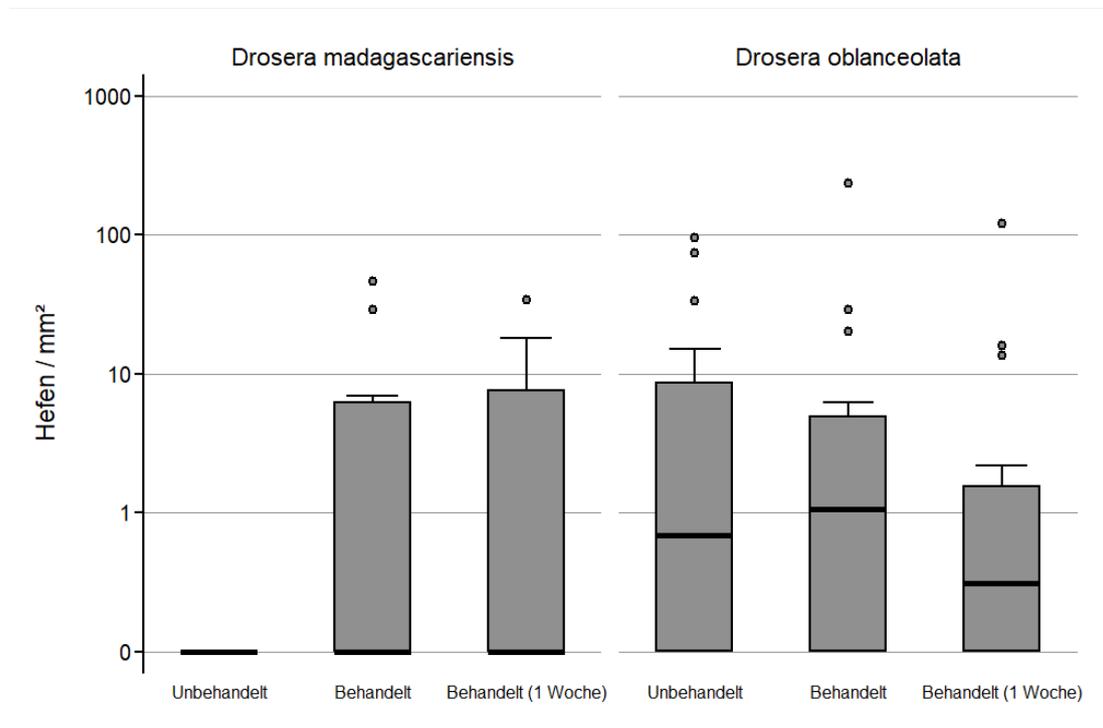


Abb. 6: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Hefen pro mm²

Der Unterschied zwischen *Drosera oblaneolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 6) ist im unbehandelten Zustand hoch signifikant. Unmittelbar nach der Inokulation, sowie eine Woche danach sind keine Signifikanzen festzustellen.

6.1.3 Bakterien und Hefen

6.1.3.1 Bakterien und Hefen pro Blatt

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 7) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblaneolata* 745 ± 1475 Bakterien und Hefen pro Blatt. Nach der Inokulation sinkt die Keimzahl auf 447 ± 1145 pro Blatt; die Veränderung ist signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl weiter auf 219 ± 764 . Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert hoch signifikant, im Vergleich zum Wert nach der Behandlung signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* 71 ± 98 Bakterien pro Blatt, aber keine Hefen. Nach der Inkulation steigt die Keimzahl auf 208 ± 278 pro Blatt; die Veränderung ist signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 108 ± 220 . Diese Veränderung ist im Vergleich zum Ausgangswert nicht signifikant, im Vergleich zum Wert nach der Behandlung borderline nicht signifikant.

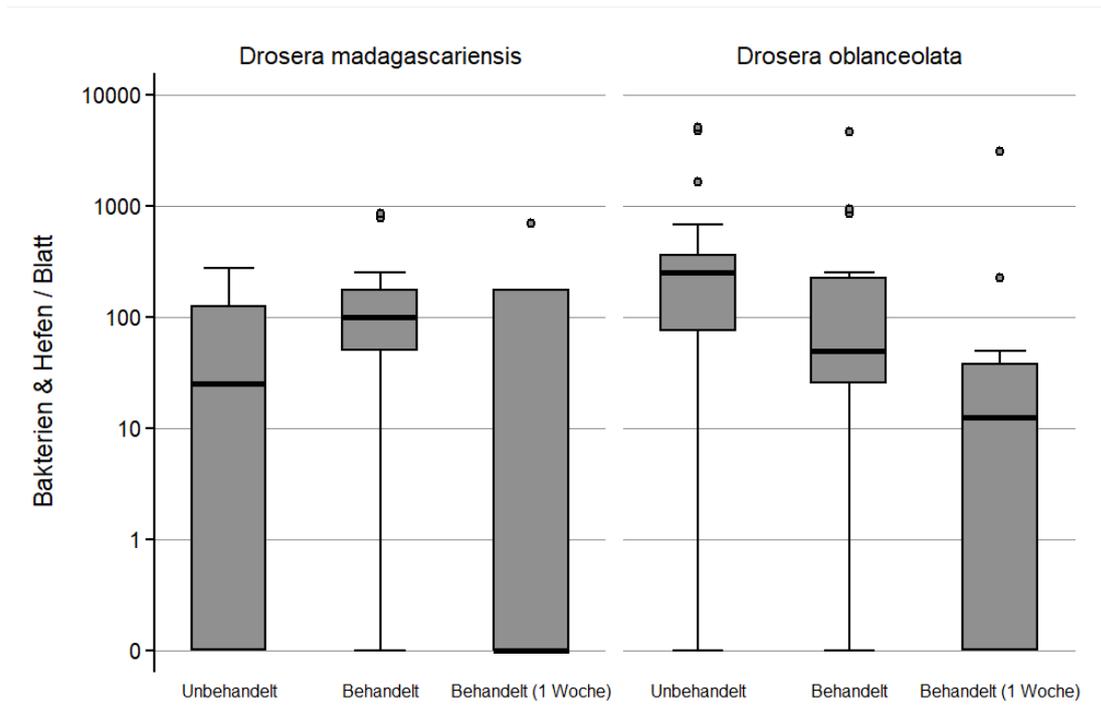


Abb. 7: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Bakterien und Hefen pro Blatt

Der Unterschied zwischen *Drosera oblaneolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 7) ist im unbehandelten Zustand hoch signifikant. Unmittelbar nach der Inokulation, sowie eine Woche danach sind keine Signifikanzen festzustellen.

6.1.3.2 Bakterien und Hefen pro Quadratmillimeter

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 8) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblaneolata* 18 ± 32 Bakterien und Hefen pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 18 ± 50 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist borderline nicht signifikant. Nach einer Woche sinkt die Keimzahl weiter 8 ± 28 . Diese Veränderung ist im

Vergleich zum Ausgangswert hoch signifikant, im Vergleich zum Wert nach der Behandlung borderline nicht signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* 3 ± 4 Bakterien und Hefen pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 12 ± 15 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist signifikant. Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 5 ± 10 . Diese Veränderung ist im Vergleich zum Ausgangswert nicht signifikant, im Vergleich zum Wert nach Behandlung jedoch signifikant.

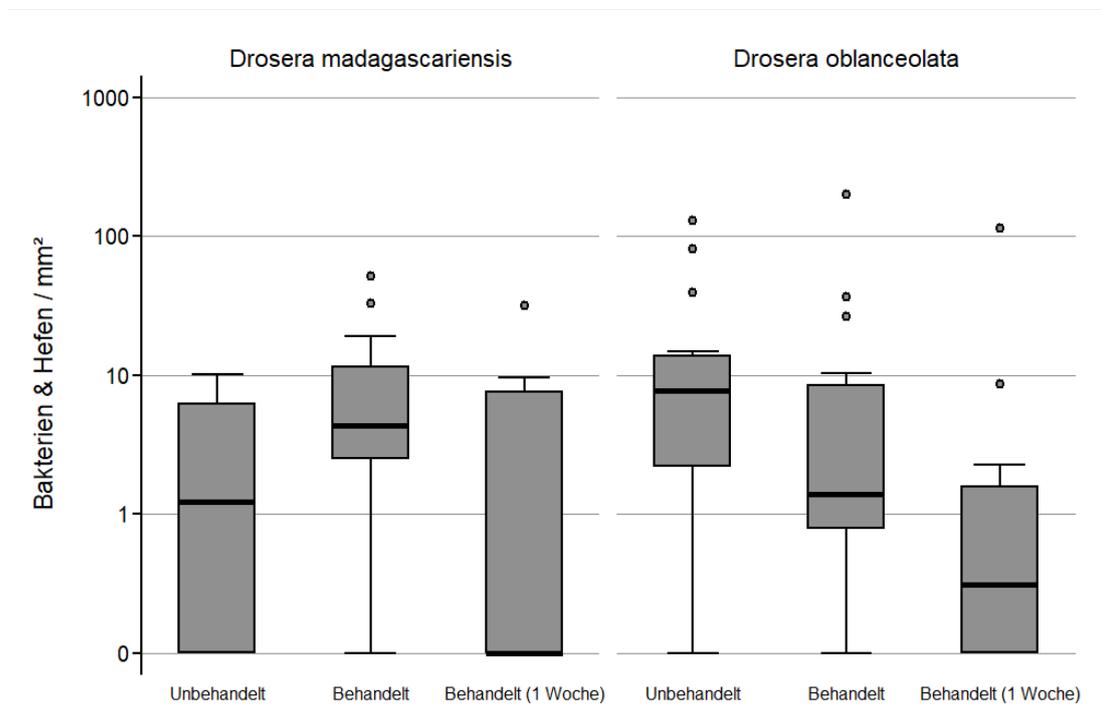


Abb. 8: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Bakterien und Hefen pro mm²

Der Unterschied zwischen *Drosera ob lanceolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 8) ist im unbehandelten Zustand signifikant. Unmittelbar nach der Inokulation ist der Unterschied borderline nicht signifikant. Nach einer Woche ist keine Signifikanz festzustellen.

6.1.4 Hyphenbildende Pilze

6.1.4.1 Hyphenbildende Pilze pro Blatt

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 7) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera ob lanceolata* 121 ± 153 Schimmelkolonien pro Blatt. Nach der Inokulation steigt diese Zahl auf

237 ± 443 pro Blatt; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche steigt die Keimzahl weiter auf 351 ± 975. Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung nicht signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* 67 ± 89 Schimmelkolonien pro Blatt. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 190 ± 427 pro Blatt; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl der Schimmelpilze auf 91 ± 159. Diese Veränderung ist sowohl im Vergleich zum Ausgangswert als auch zum Wert nach Behandlung nicht signifikant.

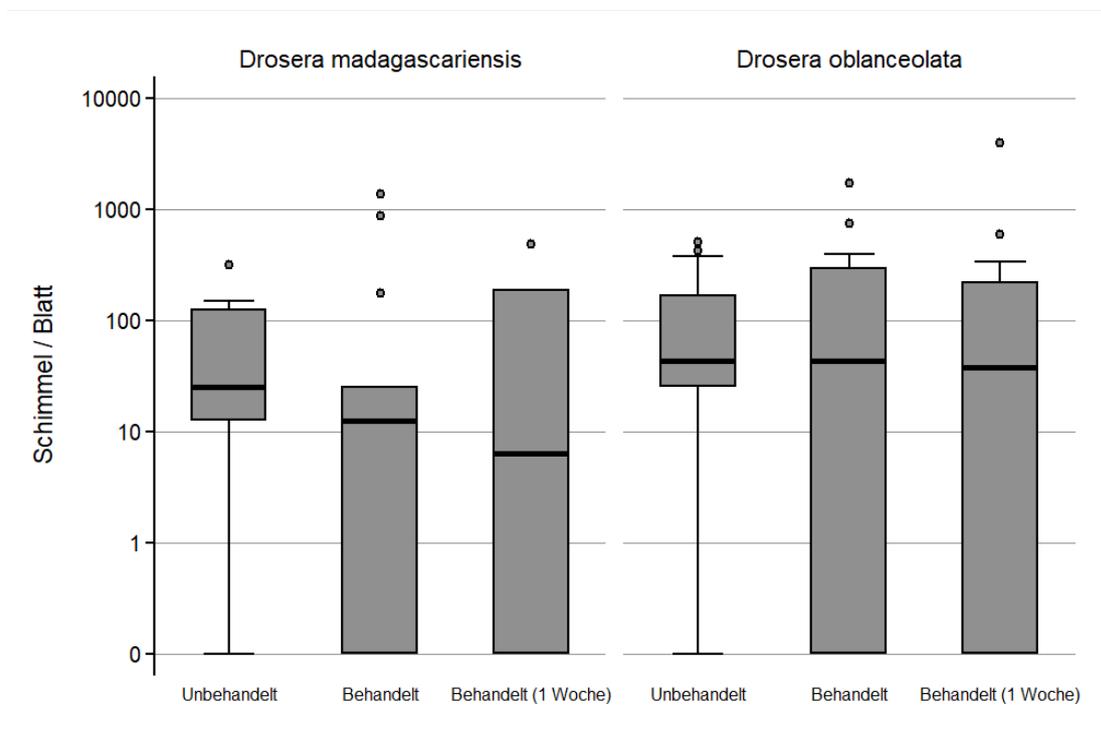


Abb. 9: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Schimmelpilze pro Blatt

Der Unterschied zwischen *Drosera ob lanceolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 9) ist zu keinem Zeitpunkt signifikant.

6.1.4.2 *Hyphenbildende Pilze pro Quadratmillimeter*

Im Analyseset ohne Beute (siehe Anhang 9.1, Tab. 8) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera ob lanceolata* 4 ± 4 Schimmelkolonien pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 10 ± 19 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer

Woche steigt die Keimzahl weiter auf 12 ± 34 . Diese Veränderung ist weder im Vergleich zum Ausgangswert noch im Vergleich zum Wert nach der Behandlung signifikant.

Im Analyseset ohne Beute finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera madagascariensis* 3 ± 4 Schimmelkolonien pro Quadratmillimeter. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 9 ± 20 pro Quadratmillimeter; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 4 ± 6 . Diese Veränderung ist weder im Vergleich zum Ausgangswert noch im Vergleich zum Wert nach der Behandlung signifikant.

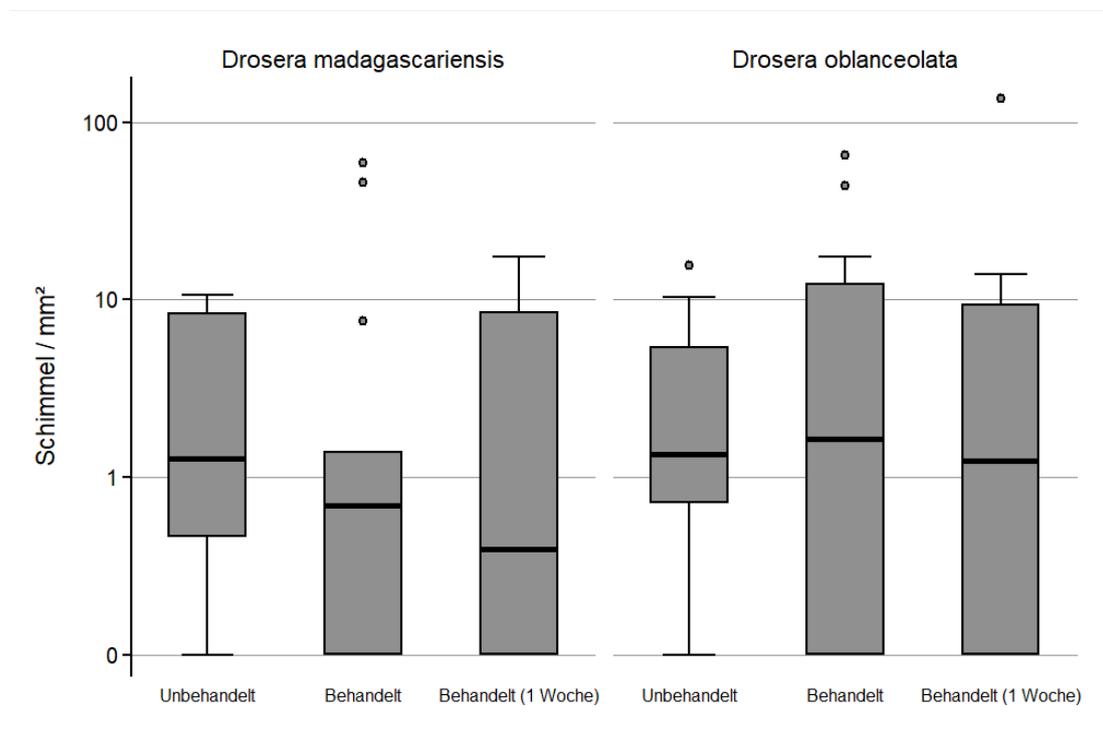


Abb. 10: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Schimmelpilze pro mm²

Der Unterschied der Schimmelkolonien zwischen *Drosera oblaneolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 10) pro Quadratmillimeter Blattfläche ist zu keinem Zeitpunkt signifikant.

6.2 Auswertung der Fluoreszenzmikroskopie

Der Stichprobenumfang beträgt 20 Tentakel von beutelosen Blättern. Alle angefärbten Mikroben werden ausgezählt. Hier wird nicht zwischen Prokaryoten und Eukaryoten differenziert.

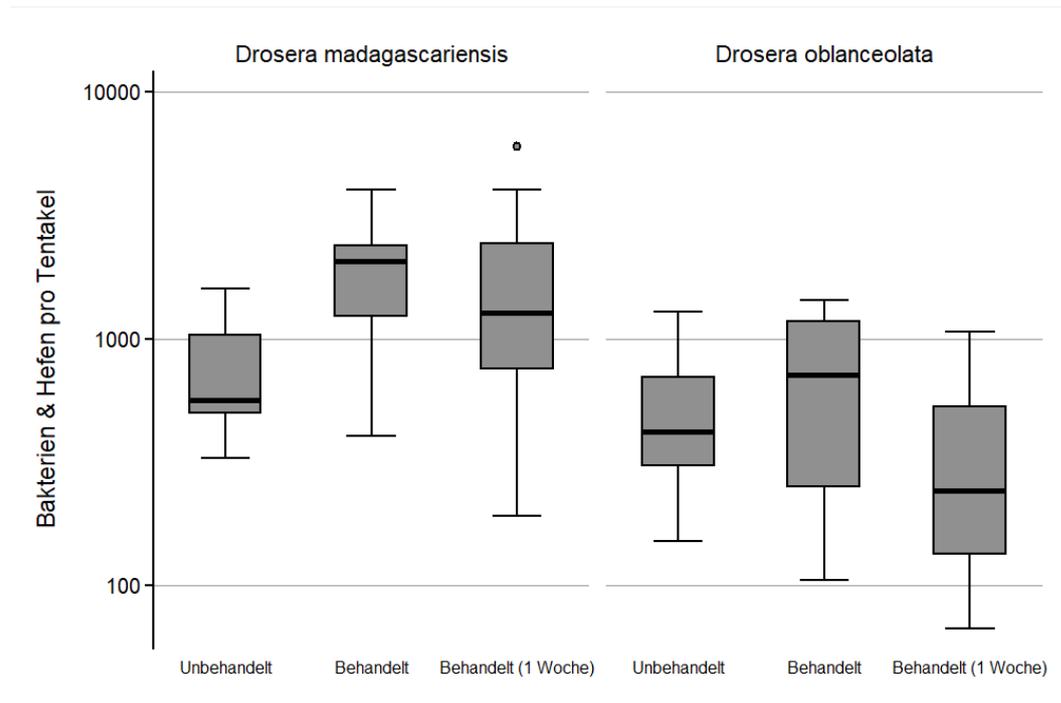


Abb. 11: Gegenüberstellung der beiden Arten je nach Behandlung; Bakterien und Hefe pro Tentakel

Im Analyseset (siehe Anhang 9.2, Tab. 9) finden sich im unbehandelten Zustand auf *Drosera oblancoolata* 527 ± 295 Kolonien pro Tentakel. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 728 ± 492 pro Tentakel; die Veränderung ist nicht signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 387 ± 318 pro Tentakel. Diese Veränderung ist im Vergleich zum Ausgangswert borderline nicht signifikant und zum Wert nach der Behandlung signifikant.

Bei *Drosera madagascariensis* finden sich im unbehandelten Zustand 775 ± 409 Mikroorganismen pro Tentakel. Nach der Inokulation steigt die Keimzahl auf 1951 ± 906 pro Tentakel; die Veränderung ist hoch signifikant (MW-Test). Nach einer Woche sinkt die Keimzahl auf 1850 ± 1717 . Diese Veränderung ist im Vergleich zum Ausgangswert signifikant, im Vergleich zum Wert nach der Behandlung nicht signifikant.

Der Unterschied zwischen *Drosera oblancoolata* und *Drosera madagascariensis* (siehe Boxplot Abb. 11) ist im unbehandelten Zustand signifikant, unmittelbar nach der Inokulation, sowie eine Woche danach sind die Werte hoch signifikant unterschiedlich.

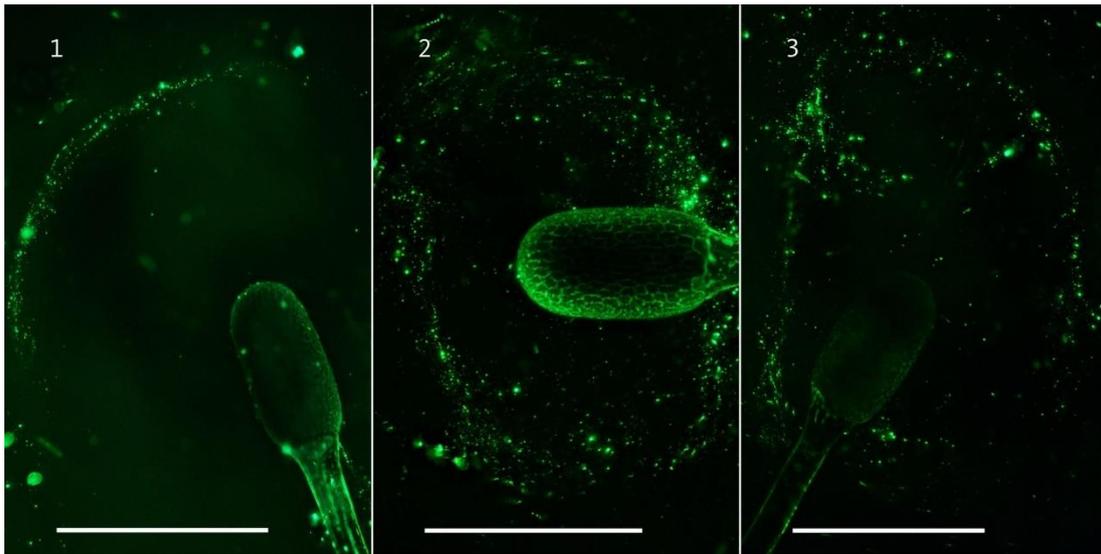


Abb. 12: Keimbelastung bei *D. oblongeolata* unbehandelt (1), unmittelbar (2) und eine Woche nach der Inokulation (3). Scalebar 200 μm

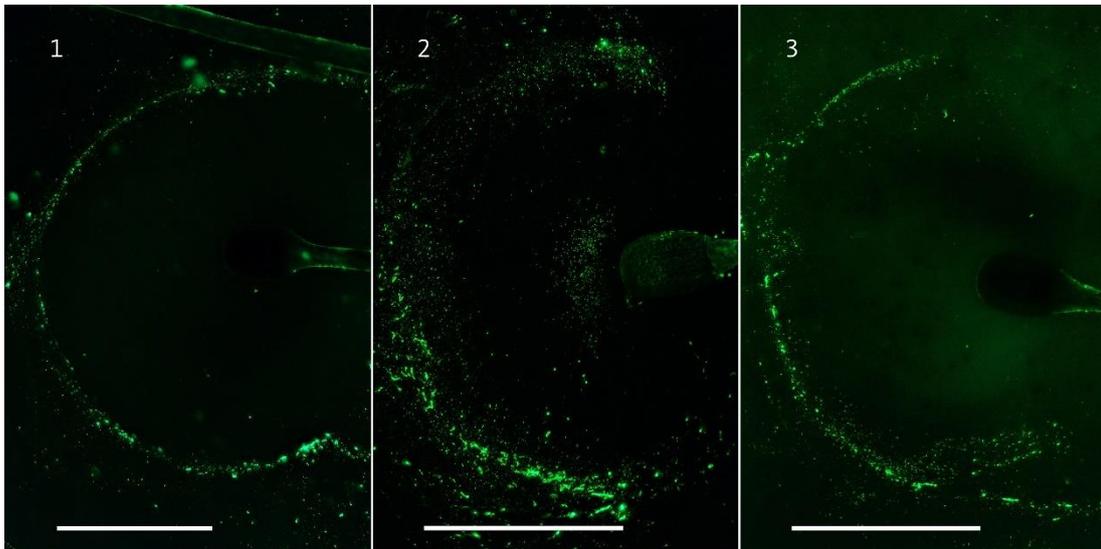


Abb. 13: Keimbelastung bei *D. madagascariensis* unbehandelt (1), unmittelbar (2) und eine Woche nach der Inokulation (3). Scalebar 200 μm

In den Extended Depth of Focus-Aufnahmen (siehe Abb. 12 und Abb. 13) ist zu sehen, dass die Schleimhaube durch das Deckglas sehr stark zusammengedrückt wird und dadurch größer erscheint. Die Mikroorganismen sind vorwiegend am Rande des Schleims zu finden, können teilweise aber auch in diesen eindringen.

6.3 Anteil kultivierbarer Mikroorganismen

Die Keimzahl im Fangschleim von *Drosera madagascariensis* ist höher als in *Drosera oblancheolata*. Dieser Unterschied ist ausschließlich auf nicht kultivierbare Mikroorganismen zurückzuführen. Nur ein sehr geringer Anteil der Mikroorganismen ist kultivierbar. Dieser Anteil zwischen 0,07 und 1,24 % (siehe Tab. 6) schwankt stark zwischen Art und Inokulation.

Tab. 6: Korrelation kultivierbarer Mikroorganismen

Art	Zeitpunkt	CUs / Blatt	CUs / mm ²	Zellen / Tentakel	Tentakel / Blatt	Zellen / Blatt	Kultivierbarer Anteil [%]
<i>D. madagascariensis</i>	Unbehandelt	71,5	3,0	775,0	84,7	65638,3	0,11
	Behandelt	207,7	11,7	1951,1	84,7	165253,9	0,13
	Behandelt (1 Woche)	107,6	5,1	1849,8	84,7	156682,3	0,07
<i>D. oblancheolata</i>	Unbehandelt	745,0	17,9	526,8	113,8	59949,8	1,24
	Behandelt	446,9	18,3	727,6	113,8	82800,9	0,54
	Behandelt (1 Woche)	218,8	8,2	386,5	113,8	43989,4	0,50

7 Diskussion

7.1 Stand der Forschung

Über antimikrobiellen Inhaltsstoffe des Schleims bei *Drosera* existieren nur wenige Studien. Eine rezente Publikation von Kokubun aus dem Jahr 2017 konnte im Schleim von *Drosera capensis* myo-Inositol und alkylsubstituierte Polysaccharide finden, die offenbar der Fangschleimmechanik dienen. In dieser Studie konnten jedoch keine Hinweise auf aromatische Verbindungen gefunden werden. Ein Vorkommen von Naphthochinonderivaten, wie zum Beispiel Droseron, oder Flavonoidderivaten im Fangschleim ist somit nicht belegt. Diese Untersuchung ist jedoch nicht für die ganze Gattung repräsentativ, welche mit zumindest 250 Arten die größte fleischfressende Pflanzengattung darstellt (Fleischmann *et al.*, 2018). Durch die Vielzahl an Arten und die unterschiedlichen ökologischen Bedingungen, unter denen sie wachsen, ist eine Vielzahl von möglichen Inhaltsstoffen äußerst wahrscheinlich.

Ein weiterer, nicht aromatischer, antimikrobieller Stoff, der im Fangschleim bei *Drosera capensis* gefunden werden konnte, ist das Peptid Droserasin. Droserasin enthält PSI (plant specific insert), eine Aminosäuresequenz, die für die Gattung *Drosera* typisch ist. PSI hemmt das mikrobielle Wachstum und interagiert sehr stark mit biologischen Membranen. Außerdem zeigt PSI im sauren Milieu Wechselwirkungen mit Lipiden von Bakterien und Pilzen (Sprague-Piercy *et al.*, 2020).

7.2 Keimzahlen im unbehandelten Zustand

Vorläufige Untersuchungen an *Drosera rotundifolia* (Pranjic, 2004) lassen vermuten, dass der Schleim von *Drosera* am Naturstandort praktisch keimfrei ist. Dieser Befund sollte an *Drosera madagascariensis* und *Drosera oblancheolata* überprüft werden. Gleichzeitig sollten die Keimzahlen bei beiden Arten untereinander verglichen werden. Eventuelle Unterschiede könnten auf drei Ursachen zurückgeführt werden: Der Fangschleim könnte eine selektive Wirkung auf die Mikroflora ausüben, der „Regen“ an Keimen und Sporen am

Naturstandort könnte unterschiedlich sein oder die von der Pflanze gefangene Beute könnte die Keimzahl beeinflussen.

Der Einfluss der Umwelt wurde in den vorliegenden Versuchen ausgeschlossen, indem beide Arten nebeneinander im selben Glashaus kultiviert wurden. Alle Tentakel hatten daher die gleiche Chance von Mikroorganismen besiedelt zu werden. Bei den Kulturversuchen wurde zudem zwischen Blättern mit und ohne Beute differenziert; bei den Fluoreszenzfärbungen wurden nur Tentakel ohne Beute berücksichtigt. Alle Unterschiede können somit mit Sicherheit auf die unterschiedliche Zusammensetzung des Schleims zurückgeführt werden.

Im Kulturversuch wurden in *Drosera madagascariensis* $3,3 \pm 3,9$ Bakterien pro Quadratmillimeter Blattfläche gefunden, in *Drosera oblancheolata* $6,4 \pm 8,4$ Bakterien pro Quadratmillimeter Blattfläche. Dieser Unterschied war statistisch jedoch nicht signifikant. Im Subset der Blätter ohne Beute wurden geringfügig niedrigere Bakterienzahlen ($3,0 \pm 3,5$ vs. $6,4 \pm 8,4$) gefunden. Der Unterschied ist nicht signifikant. Die Keimzahl pro Blatt unterschied sich jedoch in beiden Analysesets signifikant zwischen den Arten. Dieser Unterschied ist somit auf die deutlich größeren Blätter von *Drosera oblancheolata* zurückzuführen.

Bei den tetracyclinresistenten Mikroorganismen hingegen war sehr wohl ein Unterschied in der Zellzahl pro Quadratmillimeter Blattfläche nachzuweisen: Bei beuteloser *Drosera madagascariensis* wurden keine tetracyclinresistenten Organismen nachgewiesen ($0,0 \pm 0,0$ Zellen pro Quadratmillimeter), bei beuteloser *Drosera oblancheolata* waren hingegen $12,5 \pm 26,4$ Zellen pro Quadratmillimeter zu finden. Der Unterschied war signifikant. Wenn Blätter mit Beute eingeschlossen wurden, waren zwar auch Hefen auf *Drosera madagascariensis* zu finden ($5,8 \pm 24,2$ vs. $12,5 \pm 26,4$ in *Drosera oblancheolata*), der Unterschied war aber immer noch signifikant. Tatsächlich war der Unterschied der tetracyclinresistenten Organismen so ausgeprägt, dass sich auch die Gesamtzahl an Keimen (tetracyclinresistente und tetracyclinsensitive) zwischen den Arten signifikant unterschied.

Es wurden keine Untersuchungen durchgeführt, um die tetracyclinresistenten Organismen zu identifizieren, dennoch kann mit hoher Wahrscheinlichkeit angenommen werden, dass es sich um Hefen, also um Eukaryoten, handelte. Während sich die Zahl an Bakterien nicht signifikant unterschied, ist anzunehmen, dass der Fangschleim von *D. madagascariensis* eine hemmende Wirkung auf das Wachstum von Hefen ausübt. Bezüglich der Bakterien ist nicht klar, ob mit einer größeren Stichprobe ein signifikanter Unterschied hätte nachgewiesen werden können, da die Studie nur für den Nachweis eines Unterschiedes der Gesamtkeimzahl gepowert war.

Außer Bakterien und Hefen wurden auch häufig Schimmelpilze nachgewiesen, in *Drosera oblancheolata* $3,6 \pm 4,3$ Schimmelpilze pro Quadratmillimeter auf beutelosen Blättern, in *Drosera madagascariensis* $3,4 \pm 4,1$ Schimmelpilze pro Quadratmillimeter auf beutelosen Blättern. Der Unterschied war nicht signifikant. Da in den mikroskopischen Untersuchungen keine Hyphen im Fangschleim angefärbt wurden oder im Hellfeld sichtbar waren, ist anzunehmen, dass die Schimmelpilze nur als Sporen vorliegen und erst auf den Nährböden auskeimen.

Die Fluoreszenzuntersuchung ergab ein vollkommen anderes Bild. In *Drosera oblancheolata* wurden 527 ± 295 Zellen pro Tentakel gezählt, in *Drosera madagascariensis* 775 ± 409 Zellen pro Tentakel. Der Unterschied war signifikant, wobei zu beachten ist, dass hier die höhere Keimzahl in *Drosera madagascariensis* gefunden wurde. Da nur 0,11 bzw. 1,24 % aller Keime kultivierbar waren, lässt sich diese scheinbare Diskrepanz durch eine völlig andere Artenzusammensetzung der Mikroflora bei beiden Arten erklären. Auch die Fluoreszenzfärbung bestätigt somit den Einfluss des Fangschleims auf die Mikroflora.

7.3 Keimzahl nach Inokulation

Um die kurzfristige Interaktion zwischen Mikroorganismen und Fangschleim zu untersuchen, wurden die Versuchspflanzen mit einer Suspension aus Darmbakterien (vor allem Laktobazillen) und Bäckerhefe besprüht. Im Kulturversuch nahm bei *Drosera madagascariensis* die Zahl der Bakterien

durch das Besprühen von $3,0 \pm 3,5$ auf $4,8 \pm 4,4$ zu, die Zunahme war jedoch nicht signifikant. Bei *Drosera ob lanceolata* schien es sogar zu einer Abnahme der Bakterienzahl von $6,4 \pm 8,4$ auf $4,5 \pm 10,3$ zu kommen, da dieser Unterschied signifikant war, kann er kaum durch Zufälle bei der Probennahme erklärt werden. Eine Woche später war bei beiden Arten die Bakterienzahl hoch signifikant auf $0,1 \pm 0,3$ pro Quadratmillimeter Blattfläche gesunken. Somit scheint der Fangschleim zu einem extrem schnellen Absterben der Darmbakterien zu führen. Darüber hinaus kommt es bei beiden Arten zu einer signifikanten Verringerung der Keimzahl unter das Ausgangsniveau vor Versuchsbeginn. Als Erklärungen kommen folgende Möglichkeiten in Frage:

- PBS als Lösungsmittel der Bakteriensuspension wirkt schädigend auf jene Bakterien, die von Natur aus im Fangschleim vorkommen.
- Die Darmbakterien setzen beim Absterben Verbindungen frei, welche die Bakterien im Fangschleim schädigen.
- Durch die Anwesenheit von Darmbakterien im Fangschleim wird *Drosera* zu einer verstärkten Bildung antimikrobieller Substanzen angeregt, die dann auch die natürlicherweise vorkommenden Bakterien abtöten.
- Im Fangschleim ungeretzter Tentakel wurde ein pH-Wert von 5 gefunden (Rost & Schauer, 1977). In der verwandten Gattung *Nepenthes* (siehe Kapitel 7.4) sinkt der pH-Wert der Fallenflüssigkeit nach chemischer Stimulation stark ab. Eine vergleichbare Veränderung ist auch bei *Drosera* denkbar.

Die Fluoreszenzuntersuchungen ergaben wieder ein abweichendes Bild. In *Drosera madagascariensis* nahm die Keimzahl hoch signifikant von 775 ± 409 auf 1951 ± 906 zu und verharrte dann auf diesem Niveau (1850 ± 1717). In *Drosera ob lanceolata* war die Zunahme von 527 ± 295 auf 728 ± 492 weniger ausgeprägt und nicht signifikant. Nach einer Woche sank die Keimzahl aber auch hier signifikant unter das Ausgangsniveau (387 ± 318). Auch wenn nicht vollständig klar ist, wie lange Bakterienzellen nach dem Verlust der Teilungsfähigkeit noch durch Fluoreszenz nachgewiesen werden können,

belegen auch diese Ergebnisse deutlich den Unterschied zwischen den beiden *Drosera*-Arten.

Hefen zeigten ein anderes Verhalten als Bakterien. Bei *Drosera madagascariensis* waren im unbehandelten Zustand gar keine Hefen nachweisbar. Nach der Inokulation wurden $7,3 \pm 14,2$ Zellen pro Quadratmillimeter Blattfläche gefunden. Dieser Wert veränderte sich nach sieben Tagen nicht signifikant ($6,2 \pm 11,4$). Bei *Drosera oblancheolata* kam es zu einem praktisch gleich starken Anstieg der Hefe nach der Inokulation von $12,5 \pm 26,4$ auf $19,0 \pm 58,7$. Bei dieser Art sinkt die Zahl der Hefezellen jedoch nach einer Woche unter das Ausgangsniveau ($9,7 \pm 29,9$). Diese Veränderung ist jedoch nicht signifikant und sollte daher nicht überbewertet werden.

Die Zunahme der Hefezellen um einheitlich sieben Zellen pro Quadratmillimeter Blattfläche deutet darauf hin, dass die Inokulation in der gewünschten Weise und sehr einheitlich funktionierte. Anders als bei den Bakterien veränderte sich die Zahl der Hefen nach einer Woche nicht signifikant. Offensichtlich blieben die inokulierten Hefezellen über zumindest eine Woche im Fangschleim am Leben und teilungsfähig. Bei *Drosera oblancheolata*, wo Hefen auch im unbehandelten Fangschleim vorkommen, ist dieses Ergebnis unmittelbar plausibel. Bei *Drosera madagascariensis* waren aber keine Hefen im unbehandelten Fangschleim zu finden. Das Überleben der inokulierten Hefen lässt sich auf folgende Weise erklären:

- *Saccharomyces cerevisiae* weist eine höhere Resistenz gegen den Fangschleim von *Drosera madagascariensis* auf als jene Hefen, die im „Keimregen“ des Glashauses enthalten sind.
- Die ausgewählten Blätter von *Drosera madagascariensis* waren zufälligerweise nicht von Hefen besiedelt. Angesichts einer Stichprobengröße von $n=20$ ist dies zwar unwahrscheinlich, aber diese Studie wurde nicht für den separaten Nachweis von Hefen gewertet.

Das lässt darauf schließen, dass antimikrobielle Substanzen, ähnlich wie Verdauungsenzyme (Heslop-Harrison, 1976), von den äußeren Drüsenzellen der Tentakelköpfe verstärkt in den Fangschleim abgegeben werden.

Gleichzeitig war zu beobachten, dass sich der Befall mit Schimmelpilzen nach der Inokulation beinahe verdreifacht hat. Die Anzahl der Schimmelpilze ist bei *Drosera oblancheolata* jedoch höher als zu Beginn der Versuche, während bei *Drosera madagascariensis* beinahe der Ausgangswert wieder erreicht ist. Es ist daher davon auszugehen, dass die natürliche Schimmelpilzabwehr bei *Drosera oblancheolata* durch die forcierte Abgabe von weiteren antimikrobiellen Substanzen gestört wird.

7.4 Mikroflora von Drosera im Vergleich zu *Nepenthes*

Die Familie der Droseraceen ist nahe mit der gleichfalls karnivoren Familie der Nepenthaceen verwandt, allerdings bildet *Nepenthes* Kannenfallen, die mit einer Verdauungsflüssigkeit gefüllt sind, welche von der Pflanze durch Drüsen gebildet wird. Diese Kannenflüssigkeit ist durch Polysaccharide viskos und enthält ähnliche Verdauungsenzyme wie *Drosera*. Auch hier werden antimikrobielle Bestandteile vermutet, aber noch nicht sicher nachgewiesen (Adlassnig *et al.* 2010b). Somit ist eine grundsätzliche Vergleichbarkeit von der Kannenflüssigkeit von *Nepenthes* mit dem Fangschleim von *Drosera* gegeben.

Die Kannenflüssigkeit von *Nepenthes* unter Glashausbedingungen wurde von Adlassnig (2007) und Müllner (2009) mikrobiologisch untersucht. Dabei zeigte sich, dass die Kannenflüssigkeit von *Nepenthes* zwar reich an Bakterien ($9 \cdot 10^6 - 7 \cdot 10^8$, 1 bis 2 % davon auf PCA kultivierbar), aber arm an Arten ist. 80 Prozent der Bakterien waren Proteobakterien, vor allem *Acidocella sp.* Der Anteil von Bakterien, bei denen eine Beteiligung an der Verdauung der Beute anzunehmen war, war bei *Nepenthes* durchwegs geringer als bei anderen untersuchten Kesselfallen. Es ist also anzunehmen, dass auch *Nepenthes* Inhaltsstoffe bildet, die das Wachstum von Bakterien auf wenige resistente Arten einschränken.

Hefen sind in *Nepenthes* extrem häufig, ähnlich wie bei *Drosera*. Eine Bestimmung der Hefearten erfolgte jedoch auch bei *Nepenthes* noch nicht. Bezüglich der hyphenbildenden Pilze waren jedoch deutliche Unterschiede zwischen *Nepenthes* und *Drosera* festzustellen. Bei *Drosera* scheinen Pilze nur als Sporen, aber nicht als Myzel im Fangschleim vorzukommen. Bei

Nepenthes wurden ausgedehnte Flocken aus Myzel in der Kannenflüssigkeit gefunden, unter anderem *Acremonium spp.*, *Lecanicillium sp.*, *Mortierella sp.*, *Penicillium sp.*. Auch hier war im Vergleich zu anderen untersuchten Arten die Diversität eingeschränkt (Adlassnig, 2007; Müllner, 2009). Sowohl bei *Nepenthes* als auch bei *Drosera* scheint das Wachstum von Pilzen somit auf wenige resistente Formen beschränkt zu sein.

7.5 Kulturmethode vs. Fluoreszenzfärbung

In der Versuchsserie der vorliegenden Arbeit zeigen die Kulturversuche deutlich andere, teilweise sogar konträre, Ergebnisse als die Fluoreszenzfärbung. Dabei weisen beide Methoden ihre jeweils eigenen Stärken und Schwächen auf.

- Durch Fluoreszenzfärbung werden bis zu 800-mal mehr Zellen gefunden als durch Kulturmethoden, weil der überwiegende Teil der Mikroorganismen im Fangschleim von *Drosera* nicht kultivierbar ist. Da der Anteil kultivierbarer Bakterien bei *Drosera oblongifolia* deutlich höher liegt als bei *Drosera madagascariensis*, wird der Vergleich zwischen den Arten zusätzlich erschwert
- Im Kulturversuch werden nur Zellen nachgewiesen, die uneingeschränkt lebens- und teilungsfähig sind. Es ist unbekannt, wie lange Zellen nach dem Absterben noch durch DiOC₆(3) nachgewiesen werden können. Es ist somit möglich, dass ein Teil der Differenz zwischen Kulturmethoden und Fluoreszenzfärbung darauf zurückzuführen ist, dass bereits abgestorbene Zellen mitausgezählt wurden.
- Im Kulturversuch konnte durch Zugabe von Tetracyclin zwischen Prokaryoten und Eukaryoten differenziert werden. Grundsätzlich wäre dies auch bei der Fluoreszenzfärbung möglich. Allerdings müsste hier jede einzelne Zelle bei hoher Vergrößerung untersucht werden, was das Auszählen aller Zellen eines Schleimtröpfchens unmöglich machen würde.

- Der Nachweis hyphenbildender Pilze war nur auf Nährböden möglich. Dies deutet darauf hin, dass diese Pilze im Fangschleim nur als Sporen im Ruhezustand vorliegen.

7.6 Zusammenfassung und Ausblick

Die Keimzahl im Fangschleim von *Drosera madagascariensis* ist höher als in *Drosera oblancheolata*. Dieser Unterschied ist ausschließlich auf nicht kultivierbare Mikroorganismen zurückzuführen. Nur ein sehr geringer Anteil der Mikroorganismen ist kultivierbar. Dieser Zahlenwert zwischen 0.07 und 1.24 % schwankt stark zwischen Art und Inokuation. Es lässt darauf schließen, dass die Kulturmethode alleine keine aussagekräftigen Daten liefert. Das Auftreten tetracyclinresistenter Bakterien kann nicht ausgeschlossen werden.

Die Kulturmethoden ermöglichen keine eindeutige Unterscheidung zwischen Prokaryoten und Eukaryoten. Die Inokulation des Fangschleims mit der Bakterien- und Hefesuspension führt zu einem deutlichen, aber nicht signifikanten Anstieg der Keimzahl, die im Verlauf einer Woche, teilweise sogar unter den Ausgangswert, wieder absinkt. Die Kulturversuche lassen vermuten, dass einige inokulierte Zellen bereits innerhalb von 15 Minuten absterben, obwohl sie mikroskopisch noch nachweisbar sind. Dieser Effekt tritt besonders bei *Drosera oblancheolata* auf.

Auch wenn alle Droseraceen Droserson als antimikrobielle Substanz bilden, unterscheidet sich die antimikrobielle Wirkung unter den Arten. Als Ursache kommen unterschiedliche Droserson-Konzentrationen oder unterschiedliche Habitate in Frage.

8 Literaturverzeichnis

- Adlassnig W. 2007. Ökophysiologie karnivorer Kesselfallenpflanzen. Dissertation, Universität Wien, Wien. 541 pp.
- Adlassnig W., Koller-Peroutka M., Bauer S., Koshkin E., Lendl T., & Lichtscheidl I. K. 2012. Endocytotic uptake of nutrients in carnivorous plants. *Plant Journal*: 71(2): 303-313.
- Adlassnig W., Lendl T., Peroutka M., & Lang I. 2010a. Deadly Glue - Adhesive Traps of Carnivorous Plants. *In*: von Byern J. & Grunwald I. (Eds) *Biological Adhesive Systems*. 15-28. Springer, Wien.
- Adlassnig W., Peroutka M., & Lendl T. 2010b. Traps of carnivorous pitcher plants as a habitat: composition of the fluid, biodiversity and mutualistic activities. *Annals of Botany* 107(2), 181–194.
- Barthlott W., Porembski S., Seine R., & Theisen I. 2004. Karnivoren – Biologie und Kultur fleischfressender Pflanzen. Eugen Ulmer, Stuttgart, 224 pp.
- Braem G. 2002. Fleischfressende Pflanzen – Gattung und Arten im Porträt; Freiland- und Zimmerkultur; Vermehrung. Augustus Verlag, München, 134 pp.
- Czygan F.-C., & Hiller K. 2002. Droserae herbae. *In*: Wichtl M. (Ed.) *Teedrogen und Phytopharmaka*. 176-178. Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft mbH, Stuttgart.
- D'Amato P. 1998. *The Savage Garden – Cultivating carnivorous plants*. Ten Speed Press, Berkeley California, 314 pp.
- Deutscher Apotheker Verlag. 2021. *Homöopathisches Arzneibuch*. Deutscher Apotheker Verlag. Bonn.
- Fleischmann A., Cross A.T., Gibson R., Gonella P.M., & Dixon K.W. 2018. Systematics and Evolution of *Droseraceae*. *In*: Ellison A.M. & Adamec L. (Eds) *Carnivorous Plants. Physiology, Ecology and Evolution*. 45-57. Oxford University Press. Oxford.

- Gowda D.C., Reuter G., & Schauer R. 1982. Structural features of an acidic polysaccharide from the mucin of *Drosera binata*. *Phytochemistry*: 21, 2297-2300.
- Gowda D.C., Reuter G., & Schauer R. 1983. Structural studies of an acidic polysaccharide from the mucin secreted by *Drosera capensis*. *Carbohydrate Research*: 113, 113-124.
- Heslop-Harrison Y. 1976. Enzyme Secretion and Digest Uptake in Carnivorous Plants. *In: Sunderland N. (Ed.) Perspectives in experimental biology 2: Botany (Vol. 2.)*. 463-476. Pergamon Press, Oxford.
- Hölzl J., & Schwarze H. 1998. *Drosera*. *In: Blaschek W., Hänsel R., Keller K., Reichling J., Rimpler H., & Schneider G. (Eds) Hagers Handbuch der Pharmazeutischen Praxis*. 536-543. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York.
- Kokubun, T. 2017. Occurrence of myo-inositol and alkyl-substituted polysaccharide in the prey-trapping mucilage of *Drosera capensis*. *The Science of Nature*: 104(9-10), 83.
- Kolodziej H., Pertz H., & Humke A. 2002. Main constituents of a commercial *Drosera* fluid extract and their agonistic activity at muscarinic M3 receptors in guinea-pig ileum. *Pharmazie*, 57, 201-203.
- Krenn L., & Kartnig T. 2005. Sonnentau. Aktuelles über medizinisch genutzte *Drosera*-Arten. *Zeitschrift für Phytotherapie*, 26: 197-202.
- Krenn L., & Paper DH. 2004. In vivo studies on the anti-angiogenic potential of different *Drosera* Extracts. *In: Hoikkala A. & Soidinsalo O. (Eds) Polyphenol Communications*. 249-250.
- Legendre L. & Darnowski D.W. 2018. Biotechnology with carnivorous plants. *In: Ellison A.M. & Adamec L. (Eds) Carnivorous Plants. Physiology, Ecology and Evolution*. 270-282. Oxford University Press. Oxford.
- Lowrie A., & Nunn R. R. 2017. *Drosera of the World, Volume 1 Oceania*. Redfern Natural History Productions. Poole. 528 pp.

- Müllner B. 2009. Nachweis von mikrobiellen Symbionten karnivorer Kannenpflanzen anhand von 16S rRNA und Kulturmethoden. Diplomarbeit, Universität Wien. 147 pp.
- Peroutka M., Adlassnig W., Lendl T., Pranjić K., & Lichtscheidl, I. 2008. Functional Biology of Carnivorous Plants. *In: da Silva (Ed.) Floriculture, Ornamental and Plant Biotechnology. Advances and topical issues.* 266-286. Global Science Books, Isleworth.
- Pranjić K. 2004. Zur Ökologie Karnivorer Pflanzen: Die Rolle von Mikroorganismen beim Abbau von Tieren durch fleischfressende Pflanzen. Diplomarbeit, Universität Wien, Wien. 145 pp.
- Rost K., Schauer R. 1977. Physical and chemical properties of the mucin secreted by *Drosera capensis*. *Phytochemistry*: 16(9), 1365-1368.
- Sabnis R. W., Deligeorgiev, T. G., Jachak M. N., & Dalvi T. S. 1997. DiOC6(3): a useful dye for staining the endoplasmic reticulum. *Biotechnic & histochemistry: official publication of the Biological Stain Commission*, 72(5), 253-258.
- Sprague-Piercy M.A.; Bierma J.C.; Crosby M.G.; Carpenter B.P.; Takahashi G.R.; Paulino J.; Hung I.; Zhang R.; Kelly J.E.; Kozlyuk N.; Chen X.; Butts C.T.; & Martin R.W. 2020. The Droserasin 1 PSI: A Membrane-Interacting Antimicrobial Peptide from the Carnivorous Plant *Drosera capensis*. *Biomolecules*: 10(7), 1069.
- Williams S.E., Albert V.A., & Chase M.W. 1994. Relationships of Droseraceae: A cladistic analysis of rbcL sequence and morphological data. *American Journal of Botany*: 81, 1027-1037.

9 Anhang

9.1 Daten der Agarplatten

Zeitpunkt	Kennzahl	<i>Drosera oblongeolata</i>				<i>Drosera madagascariensis</i>				Gesamt				Artvergleich			
		Bakterien	Hefen	Bakterien & Hefen	Schimmel	Bakterien	Hefen	Bakterien & Hefen	Schimmel	Bakterien	Hefen	Bakterien & Hefen	Schimmel	P (Bakterien)	P (Hefen)	P (Bakterien & Hefen)	P (Schimmel)
Unbehandelt	Mittelwert	231,3	536,3	745	121,3	71,4	0	71,4	67	165,4	315,4	467,6	98,9	0,085	0,12	0,099	0,243
	Standardabweichung	324,7	1249,4	1474,5	153,1	97,5	0	97,5	89,4	266,1	985,2	1169,9	131,8	0,041	0,001	0,004	0,205
	1. Quartile	62,5	0	75	25	0	0	0	12,5	25	0	25	12,5				
	Median	100	25	250	43,8	25	0	25	25	75	0	87,5	37,5				
Behandelt	3. Quartile	237,5	375	362,5	168,8	125	0	125	125	225	75	300	137,5				
	N	20	20	20	20	14	14	14	14	34	34	34	34				
	Mittelwert	125	457,8	446,9	236,7	76,9	136,5	207,7	190,4	103,4	313,8	339,7	215,9	0,543	0,408	0,47	0,778
	Standardabweichung	275,8	1353,6	1144,9	442,7	58,1	265,3	277,5	426,5	206,9	1018,9	865,9	428,4	0,081	0,475	0,342	0,49
Behandelt (1 Woche)	1. Quartile	0	0	25	0	50	0	50	0	0	0	25	0				
	Median	25	25	50	43,8	75	0	100	12,5	25	25	50	12,5				
	3. Quartile	62,5	137,5	225	293,8	100	125	175	25	100	125	200	200				
	N	16	16	16	16	13	13	13	13	29	29	29	29				
Vergleich Zeitpunkte (T-Test)	Mittelwert	3,1	246,9	218,8	350,8	2,5	127,5	107,5	91,3	2,9	201	176	251	0,854	0,655	0,66	0,415
	Standardabweichung	8,5	806,2	763,7	974,5	7,9	244,2	220,2	158,6	8,1	644,1	608,6	771,7	0,849	0,84	0,863	0,385
	1. Quartile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
	Median	0	12,5	12,5	37,5	0	0	0	6,3	0	0	0	25				
Vergleich Zeitpunkte (MW-Test)	3. Quartile	0	50	37,5	218,8	0	175	175	187,5	0	75	50	187,5				
	N	16	16	16	16	10	10	10	10	26	26	26	26				
	Unbehandelt vs. Behandelt	0,305	0,858	0,511	0,283	0,862	0,065	0,096	0,299	0,312	0,995	0,629	0,135				
	Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,008	0,428	0,205	0,305	0,037	0,061	0,59	0,637	0,003	0,609	0,253	0,263				
Vergleich Zeitpunkte (MW-Test)	Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,087	0,596	0,512	0,673	0,001	0,934	0,36	0,494	0,017	0,63	0,426	0,834				
	N	0,015	0,987	0,047	0,575	0,279	0,005	0,044	0,343	0,119	0,155	0,672	0,214				
	Unbehandelt vs. Behandelt	0	0,408	0	0,522	0,003	0,012	0,408	0,549	0	0,458	0,002	0,383				
	Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,007	0,362	0,043	0,892	0	0,891	0,054	0,974	0	0,455	0,002	0,813				

Tab. 7: Kennzahlen der statistisch ermittelten Werte für Blätter ohne Beute aus den Kulturversuchen auf PCA

Zeitpunkt	Kennzahl	<i>Drosera oblancaolata</i>			<i>Drosera madagascariensis</i>			Gesamt			Artvergleich						
		Bakterien	Hefen	Bakterien & Hefen	Bakterien	Hefen	Bakterien & Hefen	Bakterien	Hefen	Bakterien & Hefen	P (Bakterien)	P (Hefen)	P (Bakterien & Hefen)	P (Schimme)			
Unbehandelt	Mittelwert	6,4	12,5	17,9	3,6	3	0	3	3,4	5	7,3	11,8	3,5	0,161	0,088	0,095	0,856
	Standardabweichung	8,4	26,4	32,1	4,3	3,5	0	3,5	4,1	7	21	25,6	4,2	0,131	0,001	0,013	0,517
	1. Quartile	1,4	0	2,2	0,7	0	0	0	0,5	1,1	0	1,1	0,5				
	Median	3,1	0,7	7,8	1,4	1,2	0	1,2	1,3	2,5	0	3,3	1,4				
	3. Quartile	8,1	8,7	13,8	5,4	6,3	0	6,3	8,3	7,3	3	10	6				
	N	20	20	20	20	14	14	14	14	34	34	34	34				
Behandelt	Mittelwert	4,5	19	18,2	10,2	4,8	7,3	11,7	9	4,6	13,7	15,3	9,6	0,94	0,491	0,653	0,868
	Standardabweichung	10,3	58,7	49,6	18,7	4,4	14,2	15	19,7	8,1	44,4	37,8	18,8	0,038	0,765	0,091	0,52
	1. Quartile	0	0	0,8	0	2,2	0	2,5	0	0	0	1,2	0				
	Median	0,7	1,1	1,4	1,6	3,8	0	4,3	0,7	1,7	0,6	2,8	0,8				
	3. Quartile	2,6	4,9	8,4	12,2	5	6,3	11,5	1,4	4,2	6,3	10,4	7,6				
	N	16	16	16	16	13	13	13	13	29	29	29	29				
Behandelt (1 Woche)	Mittelwert	0,1	9,7	8,1	11,9	0,1	6,2	5	3,9	0,1	8,3	6,9	8,8	0,943	0,726	0,741	0,466
	Standardabweichung	0,3	29,9	28,3	33,5	0,3	11,4	10,1	6	0,3	24,2	22,8	26,5	0,924	0,954	0,909	0,533
	1. Quartile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0				
	Median	0	0,3	0,3	1,2	0	0	0	0,3	0	0	0	0,8				
	3. Quartile	0	1,6	1,6	9,3	0	7,6	7,6	8,5	0	2,2	1,7	9,1				
	N	16	16	16	16	10	10	10	10	26	26	26	26				
Vergleich Zeitpunkte (T-Test)	Unbehandelt vs. Behandelt	0,545	0,661	0,981	0,137	0,266	0,067	0,044	0,305	0,837	0,458	0,66	0,069				
	Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,005	0,769	0,346	0,282	0,017	0,053	0,497	0,799	0,001	0,865	0,45	0,255				
	Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,097	0,578	0,485	0,86	0,003	0,844	0,237	0,441	0,006	0,585	0,33	0,893				
	Unbehandelt vs. Behandelt	0,018	1	0,085	0,713	0,172	0,005	0,019	0,429	0,327	0,117	0,939	0,33				
	Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0	0,545	0,001	0,587	0,002	0,012	0,362	0,571	0	0,357	0,002	0,457				
	Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,008	0,345	0,059	0,985	0	0,864	0,026	0,974	0	0,435	0,002	0,854				

Tab. 8: Kennzahlen der statistisch ermittelten Werte pro Quadratmillimeter für Blätter ohne Beute aus den Kulturversuchen auf PCA

9.2 Daten der Fluoreszenzmikroskopie

Zeitpunkt	Kennzahl	<i>Drosera oblanceolata</i>	<i>Drosera madagascariensis</i>	Gesamt	Artvergleich
Unbehandelt	Mittelwert	526,8	775	650,9	0,034
	Standardabweichung	295,1	408,5	373,5	0,02
	1. Quartile	305	494,5	403	
	Median	420	566	527,5	
	3. Quartile	702,5	1038,5	786,5	
	N	20	20	40	
Behandelt	Mittelwert	727,6	1951,1	1339,3	0
	Standardabweichung	491,9	905,8	949,4	0
	1. Quartile	250	1227	511	
	Median	710	2051	1204,5	
	3. Quartile	1174	2388	2051	
	N	20	20	40	
Behandelt (1 Woche)	Mittelwert	386,6	1849,8	1118,2	0,001
	Standardabweichung	317,7	1716,5	1426,1	0
	1. Quartile	133,5	748	198	
	Median	243	1273,5	693	
	3. Quartile	533	2434	1273,5	
	N	20	20	40	
Vergleich Zeitpunkte (T-Test)	Unbehandelt vs. Behandelt	0,126	0	0	
	Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,156	0,01	0,048	
	Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,013	0,817	0,417	
Vergleich Zeitpunkte (MW-Test)	Unbehandelt vs. Behandelt	0,344	0	0,001	
	Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,079	0,016	0,74	
	Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)	0,027	0,285	0,039	

Tab. 9: Kennzahlen der statistisch ermittelten Werten pro Tentakel für beutelose Blätter aus den Fluoreszenzversuchen

9.3 Statistische Dokumentation



```

name: Auswertung_Cori
log type: smcl
opened on: 22 Feb 2022, 19:08:44

1. * clear
2. * clear
3.
4.
5. * Datenimport
6. * -----
7.
8. * do "D:\User\Corina\Import_Platten.do" // Import Platten
9. * IMPORT FLATTEN
10. * -----
11.
12. * clear
13. clear
14.
15. * Umbenennung
16. * -----
17.
18. program drop_all
19. program define Umbenennung
20.     order Art Art1, after(Plattenkennung)
21.     drop Art
22.     rename Art1 Art
23.     label variable Schimm Blattfläche
24.     label variable Blattfläche "Blattfläche [mm²]"
25.     encode Beute(N), generate(Beute)
26.     order Beute, after(BeuteN)
27.     label variable Beute "Beute"
28.     rename Flüssigkeitsmenge Flüssigkeitsmenge
29.     label variable Flüssigkeitsmenge "Flüssigkeitsmenge [µl]"
30.     label variable Schimmplize Schimmplize
31.     label variable Schimmplize_ohne Schimmplize (ohne Antibiotikum)
32.     label variable Gesamt_ohne "Gesamt (ohne Antibiotikum)"
33.     label variable GesamtBlattfläche_ohne "Gesamt/Blattfläche (ohne Antibiotikum)"
34.     format %10.3f Gesamt_ohne
35.     label variable Bakterien Hefen_mA "Bakterien, Hefen (mit Antibiotikum)"
36.     label variable Schimmplize_mA "Schimmplize (mit Antibiotikum)"
37.     label variable Gesamt_mA "Gesamt (mit Antibiotikum)"
38.     label variable GesamtBlattfläche_mA "Gesamt/Blattfläche (mit Antibiotikum)"
39.     > ) *
40.     format %10.3f GesamtBlattfläche_mA
41.
42. end
43.
44. * Import Unbehandelt
45. * -----
46.
47.
48.
49.
50.
51.
52.
53.
54.
55.
56.
57.
58.
59.
60.
61.
62.
63.
64.
65.
66.
67.
68.
69.
70.
71.
72.
73.
74.
75.
76.
77.
78.
79.
80.
81.
82.
83.
84.
85.
86.
87.
88.
89.
90.
91.
92.
93.
94.
95.
96.
97.
98.
99.
100.
101.
102.
103.
104.
105.
106.
107.
108.
109.
110.
111.
112.
113.
114.
115.
116.
117.
118.
119.
120.
121.
122.
123.
124.
125.
126.
127.
128.
129.
130.
131.
132.
133.
134.
135.
136.
137.
138.
139.
140.
141.
142.
143.
144.
145.
146.
147.
148.
149.
150.
151.
152.
153.
154.
155.
156.
157.
158.
159.
160.
161.
162.
163.
164.
165.
166.
167.
168.
169.
170.
171.
172.
173.
174.
175.
176.
177.
178.
179.
180.
181.
182.
183.
184.
185.
186.
187.
188.
189.
190.
191.
192.
193.
194.
195.
196.
197.
198.
199.
200.
201.
202.
203.
204.
205.
206.
207.
208.
209.
210.
211.
212.
213.
214.
215.
216.
217.
218.
219.
220.
221.
222.
223.
224.
225.
226.
227.
228.
229.
230.
231.
232.
233.
234.
235.
236.
237.
238.
239.
240.
241.
242.
243.
244.
245.
246.
247.
248.
249.
250.
251.
252.
253.
254.
255.
256.
257.
258.
259.
260.
261.
262.
263.
264.
265.
266.
267.
268.
269.
270.
271.
272.
273.
274.
275.
276.
277.
278.
279.
280.
281.
282.
283.
284.
285.
286.
287.
288.
289.
290.
291.
292.
293.
294.
295.
296.
297.
298.
299.
300.
301.
302.
303.
304.
305.
306.
307.
308.
309.
310.
311.
312.
313.
314.
315.
316.
317.
318.
319.
320.
321.
322.
323.
324.
325.
326.
327.
328.
329.
330.
331.
332.
333.
334.
335.
336.
337.
338.
339.
340.
341.
342.
343.
344.
345.
346.
347.
348.
349.
350.
351.
352.
353.
354.
355.
356.
357.
358.
359.
360.
361.
362.
363.
364.
365.
366.
367.
368.
369.
370.
371.
372.
373.
374.
375.
376.
377.
378.
379.
380.
381.
382.
383.
384.
385.
386.
387.
388.
389.
390.
391.
392.
393.
394.
395.
396.
397.
398.
399.
400.
401.
402.
403.
404.
405.
406.
407.
408.
409.
410.
411.
412.
413.
414.
415.
416.
417.
418.
419.
420.
421.
422.
423.
424.
425.
426.
427.
428.
429.
430.
431.
432.
433.
434.
435.
436.
437.
438.
439.
440.
441.
442.
443.
444.
445.
446.
447.
448.
449.
450.
451.
452.
453.
454.
455.
456.
457.
458.
459.
460.
461.
462.
463.
464.
465.
466.
467.
468.
469.
470.
471.
472.
473.
474.
475.
476.
477.
478.
479.
480.
481.
482.
483.
484.
485.
486.
487.
488.
489.
490.
491.
492.
493.
494.
495.
496.
497.
498.
499.
500.
501.
502.
503.
504.
505.
506.
507.
508.
509.
510.
511.
512.
513.
514.
515.
516.
517.
518.
519.
520.
521.
522.
523.
524.
525.
526.
527.
528.
529.
530.
531.
532.
533.
534.
535.
536.
537.
538.
539.
540.
541.
542.
543.
544.
545.
546.
547.
548.
549.
550.
551.
552.
553.
554.
555.
556.
557.
558.
559.
560.
561.
562.
563.
564.
565.
566.
567.
568.
569.
570.
571.
572.
573.
574.
575.
576.
577.
578.
579.
580.
581.
582.
583.
584.
585.
586.
587.
588.
589.
590.
591.
592.
593.
594.
595.
596.
597.
598.
599.
600.
601.
602.
603.
604.
605.
606.
607.
608.
609.
610.
611.
612.
613.
614.
615.
616.
617.
618.
619.
620.
621.
622.
623.
624.
625.
626.
627.
628.
629.
630.
631.
632.
633.
634.
635.
636.
637.
638.
639.
640.
641.
642.
643.
644.
645.
646.
647.
648.
649.
650.
651.
652.
653.
654.
655.
656.
657.
658.
659.
660.
661.
662.
663.
664.
665.
666.
667.
668.
669.
670.
671.
672.
673.
674.
675.
676.
677.
678.
679.
680.
681.
682.
683.
684.
685.
686.
687.
688.
689.
690.
691.
692.
693.
694.
695.
696.
697.
698.
699.
700.
701.
702.
703.
704.
705.
706.
707.
708.
709.
710.
711.
712.
713.
714.
715.
716.
717.
718.
719.
720.
721.
722.
723.
724.
725.
726.
727.
728.
729.
730.
731.
732.
733.
734.
735.
736.
737.
738.
739.
740.
741.
742.
743.
744.
745.
746.
747.
748.
749.
750.
751.
752.
753.
754.
755.
756.
757.
758.
759.
760.
761.
762.
763.
764.
765.
766.
767.
768.
769.
770.
771.
772.
773.
774.
775.
776.
777.
778.
779.
780.
781.
782.
783.
784.
785.
786.
787.
788.
789.
790.
791.
792.
793.
794.
795.
796.
797.
798.
799.
800.
801.
802.
803.
804.
805.
806.
807.
808.
809.
810.
811.
812.
813.
814.
815.
816.
817.
818.
819.
820.
821.
822.
823.
824.
825.
826.
827.
828.
829.
830.
831.
832.
833.
834.
835.
836.
837.
838.
839.
840.
841.
842.
843.
844.
845.
846.
847.
848.
849.
850.
851.
852.
853.
854.
855.
856.
857.
858.
859.
860.
861.
862.
863.
864.
865.
866.
867.
868.
869.
870.
871.
872.
873.
874.
875.
876.
877.
878.
879.
880.
881.
882.
883.
884.
885.
886.
887.
888.
889.
890.
891.
892.
893.
894.
895.
896.
897.
898.
899.
900.
901.
902.
903.
904.
905.
906.
907.
908.
909.
910.
911.
912.
913.
914.
915.
916.
917.
918.
919.
920.
921.
922.
923.
924.
925.
926.
927.
928.
929.
930.
931.
932.
933.
934.
935.
936.
937.
938.
939.
940.
941.
942.
943.
944.
945.
946.
947.
948.
949.
950.
951.
952.
953.
954.
955.
956.
957.
958.
959.
960.
961.
962.
963.
964.
965.
966.
967.
968.
969.
970.
971.
972.
973.
974.
975.
976.
977.
978.
979.
980.
981.
982.
983.
984.
985.
986.
987.
988.
989.
990.
991.
992.
993.
994.
995.
996.
997.
998.
999.
1000.

```

```

23. * -----
24.
25. import excel "D:\User\Corina\Platten.xlsx", sheet("Unbehandelt") firstrow clear
26. Umbenennung
27. generate Behandlung = 1
28. label variable Behandlung "Behandlung"
29.
30. order Behandlung, after(Plattenkennung)
31. save "D:\User\Corina\Platten_Unbehandelt.dta", replace
32. (note: file D:\User\Corina\Platten_Unbehandelt.dta not found)
33. file D:\User\Corina\Platten_Unbehandelt.dta saved
34.
35. * Import Behandelt
36. * -----
37. import excel "D:\User\Corina\Platten.xlsx", sheet("Behandelt"), firstrow clear
38. Umbenennung
39. generate Behandlung = 2
40. label variable Behandlung "Behandlung"
41. order Behandlung, after(Plattenkennung)
42. save "D:\User\Corina\Platten_Behandelt.dta", replace
43. (note: file D:\User\Corina\Platten_Behandelt.dta not found)
44. file D:\User\Corina\Platten_Behandelt.dta saved
45.
46. * Import Behandelt - 1 Woche später
47. * -----
48. import excel "D:\User\Corina\Platten.xlsx", sheet("Behandelt_1 Woche später") firstrow clear
49. Umbenennung
50. generate Behandlung = 3
51. label variable Behandlung "Behandlung"
52. order Behandlung, after(Plattenkennung)
53. save "D:\User\Corina\Platten_Behandelt_1W.dta", replace
54. (note: file D:\User\Corina\Platten_Behandelt_1W.dta not found)
55. file D:\User\Corina\Platten_Behandelt_1W.dta saved
56.
57. * Fusionierung
58. * -----
59. use "D:\User\Corina\Platten_Unbehandelt.dta", clear

```

```

58. append using "D:\user\Corina\Platten_Behandelt.dta" "D:\user\Corina\Platten_Behandelt
> t_lw.dta"
(label Beute already defined)
(drop _all)
(note: variable Schimmeipilze_oh was byte, now int to accommodate using data's
values)
(note: variable Schimmeipilze_ma was byte, now int to accommodate using data's
values)
(label Beute already defined)
(label Art1 already defined)
59. label define Behandlung 1 "Unbehandelt" 2 "Behandelt" 3 "Behandelt (1 Woche)"
60. label values Behandlung Behandlung
61. save "D:\user\Corina\Platten.dta", replace
file D:\user\Corina\Platten.dta saved
62. erase "D:\user\Corina\Platten_Unbehandelt.dta"
63. erase "D:\user\Corina\Platten_Behandelt.dta"
64. erase "D:\user\Corina\Platten_Behandelt.dta"
65. erase "D:\user\Corina\Platten_Behandelt_lw.dta"
66.
end of do-file
67. do "D:\user\Corina\Import_Dioc.do" // Import Objektträger
68. * IMPORT OBJEKTRÄGER
69. * =====
70. c1s
71.
72. clear
73.
74. * Umbenennung
75. * -----
76.
77. program dropp_all
78. program define Umbenennung
1. keep Number Art Keimzahlgesamt
2. keep _all_
3. order Art Art1, after(Number)
4. drop Art
5. rename Art1 Art
6.
7. label variable Gesamt Bak_Hefen
8.
79. 9. capture tostring Bak_Hefen, force replace
10. replace _all_ = " " if Bak_Hefen = >
11. destring Bak_Hefen, replace
80. end
81.
82.

```

```

83. * Import Unbehandelt
84. * -----
85. import excel "D:\user\Corina\Objektträger_Versuch.xlsx", sheet("Unbehandelt") firstr
86. * Import excel "D:\user\Corina\Objektträger_Versuch.xlsx", sheet("Unbehandelt") firstr
> no clear
87. Umbenennung
(3 real changes made)
Bak_Hefen: all characters numeric, replaced as int
88. generate Behandlung = 1
89. label variable Behandlung "Behandlung"
90.
91. order Behandlung, after(Number)
92. save "D:\user\Corina\Dioc_Unbehandelt.dta", replace
(note: file D:\user\Corina\Dioc_Unbehandelt.dta not found)
file D:\user\Corina\Dioc_Unbehandelt.dta saved
93.
94. * Import Behandelt
95. * -----
96.
97.
98. import excel "D:\user\Corina\Objektträger_Versuch.xlsx", sheet("Behandelt") firstrow
> clear
99. Umbenennung
(1 real change made)
Bak_Hefen: all characters numeric, replaced as int
100. generate Behandlung = 2
101. label variable Behandlung "Behandlung"
102. order Behandlung, after(Number)
103. save "D:\user\Corina\Dioc_Behandelt.dta", replace
(note: file D:\user\Corina\Dioc_Behandelt.dta not found)
file D:\user\Corina\Dioc_Behandelt.dta saved
104. * Import Behandelt - 1 Woche später
105. * -----
106.
107.
108. import excel "D:\user\Corina\Objektträger_Versuch.xlsx", sheet("Behandelt_1 Wochen s
> piter") firstrow clear
109. Umbenennung
(3 real changes made)
Bak_Hefen: all characters numeric, replaced as int
110. generate Behandlung = 3
111. label variable Behandlung "Behandlung"
112. order Behandlung, after(Number)

```

```

113 save "D:\user\Corina\Dioc_Behandelt_1W.dta", replace
114 (note: file D:\user\Corina\Dioc_Behandelt_1W.dta not found)
115 file D:\user\Corina\Dioc_Behandelt_1W.dta saved
116 * Fusionierung
117 * -----
118 use "D:\user\Corina\Dioc_Unbehandelt.dta", clear
119 append using "D:\user\Corina\Dioc_Behandelt.dta" "D:\user\Corina\Dioc_Behandelt_1W.d
120 (label Art1 already defined)
121 (label Art1 already defined)
122 label define Behandlung 1 "Unbehandelt" 2 "Behandelt" 3 "Behandelt (1 Woche)"
123
124 label values Behandlung Behandlung
125 save "D:\user\Corina\Dioc.dta", replace
126 file D:\user\Corina\Dioc.dta saved
127
128 erase "D:\user\Corina\Dioc_Unbehandelt.dta"
129 erase "D:\user\Corina\Dioc_Behandelt.dta"
130 erase "D:\user\Corina\Dioc_Behandelt_1W.dta"
131
132 end of do-file
133 do "D:\user\Corina\Import_Tentakel.do"
134 * IMPORT TENTAKELZAHL
135 * -----
136 import excel "D:\user\Corina\Tentakelzahl.xlsx", sheet("Tabelle1") firstrow
137 encode Art, generate(Art1)
138 order Art Art1
139 drop Art
140 rename Art1 Art
141 collapse (mean) Tentakel, by(Art)
142 > o Blatt
143 rename Tentakel Tentakelzahl
144 format %10.1f Tentakelzahl
145 save "D:\user\Corina\Tentakelzahl.dta", replace
146 file D:\user\Corina\Tentakelzahl.dta saved

```

```

143 end of do-file
144
145 * Analyse
146 * -----
147 do "D:\user\Corina\Analyse_Platten.do"
148
149 do "D:\user\Corina\Analyse_Platten.do"
150 * ANALYSE PLATTEN
151 * -----
152
153 clear
154
155 use "D:\user\Corina\Platten.dta", clear
156
157 * Qualitätskontrollen
158 * -----
159
160 foreach X of varlist Bakterien_Hefen_oA Schimmelpilze_oA Bakterien_Hefen_mA Schimmel
161 > pilze_mA {
162     display "Kontrolle Drosera oblangecolata : var la 'X'"
163     ttest `X' = 0 if Art == 4
164     display "-----"
165     display "`X'"
166
167     display "Kontrolle Drosera madagascariensis : var la 'X'"
168     summarize `X' if Art == 3
169     ttest `X' = 0 if Art == 3
170     display "-----"
171     display "`X'"
172 }
173
174 Kontrolle Drosera oblangecolata Bakterien, Hefen (ohne Antibiotikum)
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000

```

```

Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera oblanceolata Schimmelpilze (ohne Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Schimmelp-oh         3          0          0          0          0
One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Schim-oh             3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Schimmelpilze_oh)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera madagascariensis Schimmelpilze (ohne Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Schimmelp-oh         3          0          0          0          0
One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Schim-oh             3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Schimmelpilze_oh)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera oblanceolata Bakterien, Hefen (mit Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Bakterien-ma         3          0          0          0          0
One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Bakte-ma            3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Bakterien_hefen_ma)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera madagascariensis Bakterien, Hefen (mit Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Bakterien-ma         3          0          0          0          0
One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Bakte-ma            3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Bakterien_hefen_ma)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera madagascariensis Bakterien, Hefen (mit Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Bakterien-ma         3          0          0          0          0

```

```

One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Bakte-ma            3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Bakterien_hefen_ma)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera oblanceolata Schimmelpilze (mit Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Schimmelp-ma         3          0          0          0          0
One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Schim-ma            3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Schimmelpilze_ma)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
Kontrolle Drosera madagascariensis Schimmelpilze (mit Antibiotikum)
Variable              Obs      Mean  Std. Dev.  Min    Max
Schimmelp-ma         3          0          0          0          0
One-sample t test
-----
Variable              Obs      Mean  Std. Err.  Std. Dev.  [95% Conf. Interval]
Schim-ma            3          0          0          0          0
Ho: mean = 0
mean = mean(Schimmelpilze_ma)          degrees of freedom = 2
Ha: mean < 0          Ha: mean != 0          Ha: mean > 0
Pr(T < t) = .          Pr(|T| > |t|) = .          Pr(T > t) = .
-----
163 drop if Art = 4 | Art = 3          // Löschen der Kontrollen
    (6 observations deleted)
165
166 * Schimmelpilze / Antibiotikum
168 * -----

```

```

169 summarize Schimmelpilze_oA = Schimmelpilze_ma
170
183 label variable Hefen "Hefen [CUs]"
184
185 generate Bakterien = Bakterien_Hefen_oA - Bakterien_Hefen_ma // Bakterien = Diffe
>renz der Kolonien mit und ohne Antibiotikum, bei negativen Werten "0" imputiert
186 replace Bakterien = 0 if Bakterien < 0
(22 real changes made)
187 label variable Bakterien "Bakterien [CUs]"
188
189 rename Bakterien_Hefen_oA Bak_Hefen
190 label variable Bak_Hefen "Bakterien und Hefen"
191 generate Schimmel = (Schimmelpilze_oA + Schimmelpilze_ma)/2 // Da die Schimmelpilz
>menge nicht auf das Antibiotikum reagieren, wird der Durchschnitt von Schimmel mit und
>ohne Antibiotikum berechnet
192 label variable Schimmel "Schimmel [CUs]"
193
194 foreach X of varlist Hefen Bakterien Bak_Hefen Schimmel {
1. generate `X'_mm1 = `X' / 20) * 500
2. generate `X'_mm2 = `X'_mm1 / 2
3. label variable `X'_Blatt "`X' / Blatt"
4.
5. generate `X'_mm2 = `X'_Blatt / Blattfläche
6. label variable `X'_mm2 = `X' / mm^2
7.
8. order `X'_Blatt `X'_mm2, after(`X')
195
196
197
198
199 export excel using "D:\user\Corina\datenexport_Kontrolle.xls", sheetreplace firstrow
> e_ma Gesamt_ma GesamtBlattfläche_ma
file D:\user\Corina\datenexport_Kontrolle.xls saved
200 drop Schimmelpilze_oA Gesamt_oA GesamtBlattfläche_oA Bakterien_Hefen_ma Schimmelpilz
> e_ma Gesamt_ma GesamtBlattfläche_ma
201 save "D:\user\Corina\platten_final.dta", replace
file D:\user\Corina\platten_final.dta saved
202
203 * Vergleich zwischen den beiden Arten, aufgeschlüsselt nach Behandlung
204 *
205 * Alle Blätter, Keime pro Blatt
206 * global Einheit = "Blatt"
207
208 putexcel set D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx, replace sheet(GesamtSEin
>heit)
Note: file will be replaced when the first putexcel command is issued
209 do "D:\user\Corina\Tabellenerstellung_pi.do"

```

```

169 summarize Schimmelpilze_oA = Schimmelpilze_ma
170
171 ttest Schimmelpilze_oA = Schimmelpilze_ma
Paired t test
Variable      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      95% Conf. Interval      Max
Schimm-oA    120      8.375      1.857646      20.34949      4.696675      12.05332
Schimm-mA    120      8.916667      1.768483      19.37276      5.414893      12.41844
diff         120     -5416667      .6822988      7.474209     -1.892886      .8093531
mean(diff) = mean(Schimmelpilze_oA - Schimmelpilze_ma)
degrees of freedom = 119
t = -0.7939
Ha: mean(diff) > 0
Pr(T < t) = 0.2144      Pr(T > t) = 0.4288      Ha: mean(diff) > 0
Pr(T > t) = 0.7856
degrees of freedom = 119
172
173
174 * Bakterien / Hefen / Antibiotikum
175 *
176
177 summarize Bakterien_Hefen_oA = Bakterien_Hefen_ma
Paired t test
Variable      Obs      Mean      Std. Dev.      Min      Max
Bakterien-oA  120      20.33333      61.48708      0      523
Bakterien-mA  120      14.275      40.12982      0      232
Bakterien_Hefen_oA = Bakterien_Hefen_ma
178 ttest Bakterien_Hefen_oA = Bakterien_Hefen_ma
Paired t test
Variable      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      95% Conf. Interval      Max
Bakte-oA     120      20.33333      5.612977      61.48708      9.219079      31.44759
Bakte-mA     120      14.275      3.663335      40.12982      7.021231      21.52877
diff         120      6.058333      2.871923      31.46034      .3716393      11.74503
mean(diff) = mean(Bakterien_Hef-oA - Bakterien_Hef-mA)
degrees of freedom = 119
t = 2.1095
Ha: mean(diff) > 0
Pr(T < t) = 0.9815      Pr(T > t) = 0.0370      Ha: mean(diff) > 0
Pr(T > t) = 0.0185
degrees of freedom = 119
179
180 * Berechnen der Bakterien, Hefen und Schimmelpilze
181 *
182 generate Hefen = Bakterien_Hefen_ma
> Keirien werden vernachlässigt
// Mögliche antibiotikaresistente Ba

```

```

210 putexcel (A2) = ("Zeitpunkt")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
211 putexcel (B2) = ("Weschel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
212 putexcel (C1) = ("Drosera oblanceolata"), bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
213 putexcel (C2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
214 putexcel (D2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
215 putexcel (E2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
216 putexcel (F2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
217 putexcel (G1) = ("Drosera madagascariensis"), bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
218 putexcel (G2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
219 putexcel (H2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
220 putexcel (I2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
221 putexcel (J2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
222 putexcel (K1) = ("Gasein"), bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
223 putexcel (K2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
224 putexcel (L2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
225 putexcel (M2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
226 putexcel (N2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
227 putexcel (O1) = ("Artenvergleich"), bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
228 putexcel (O2) = ("P (Bakterien)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
229 putexcel (P2) = ("P (Hefen)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

230 putexcel (Q2) = ("P (Bakterien & Hefen)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
231 putexcel (R2) = ("P (Schimmel)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
232 putexcel (A2:Q2), overwritefnt border("bottom", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
233 sleep 100
234
235 local Line = 3
236
237 foreach T of numlist 1(1)3 {
  > SchimmelSEinheit(
  3. summarize 'Par' if Behandlung == 'T' & Art == 2, detail
  4. local MeanBm_Par = round((mean), 0.1)
  5. local SD_Bm_Par = round((sd), 0.1)
  6. local Q1Bm_Par = round((p25), 0.1)
  7. local Q2Bm_Par = round((p50), 0.1)
  8. local Q3Bm_Par = round((p75), 0.1)
  9. local Nbm_Par = round((n), 0)
  10.
  238 summarize 'Par' if Behandlung == 'T' & Art == 1, detail
  11. local MeanHm_Par = round((mean), 0.1)
  12. local SD_Hm_Par = round((sd), 0.1)
  13. local Q1Hm_Par = round((p25), 0.1)
  14. local Q2Hm_Par = round((p50), 0.1)
  15. local Q3Hm_Par = round((p75), 0.1)
  16. local NHm_Par = round((n), 0)
  239
  18. summarize 'Par' if Behandlung == 'T', detail
  19. local MeanT_Par = round((mean), 0.1)
  20. local SD_T_Par = round((sd), 0.1)
  21. local Q1T_Par = round((p25), 0.1)
  22. local Q2T_Par = round((p50), 0.1)
  23. local Q3T_Par = round((p75), 0.1)
  24. local NT_Par = round((n), 0)
  240
  25. ttest 'Par' if Behandlung == 'T', by(Art)
  26. local FT_Par = round((p), 0.001)
  27. local Hm_Par = round((p), 0.001)
  28. local Bm_Par = round((n*prob*(abs(t(z))))^2, 0.001)
  29.
  30. putexcel (A'Line') = "": label Behandlung 'T'""
  31. putexcel (B'Line') = ("Mittelwert")
  32. putexcel (C'Line') = ("MeanBm BakterienSEinheit")
  33. putexcel (D'Line') = ("MeanBm HefenSEinheit")
  34. putexcel (E'Line') = ("MeanBm SchimmelSEinheit")
  35.
  36. putexcel (G'Line') = ("MeanBm BakterienSEinheit")
  37. putexcel (I'Line') = ("MeanBm HefenSEinheit")
  38. putexcel (J'Line') = ("MeanBm SchimmelSEinheit")
  39.

```

```

244 putexcel (K'Line') = ('Mean Bakterienseinheit')
40 putexcel (L'Line') = ('Mean Bakterienseinheit')
41 putexcel (M'Line') = ('Mean Bak Heferseinheit')
42 putexcel (N'Line') = ('Mean Schimmelseinheit')
245
43 putexcel (O'Line') = ('PT Bakterienseinheit')
44 putexcel (P'Line') = ('PT Heferseinheit')
45 putexcel (Q'Line') = ('PT Bak Heferseinheit')
46 putexcel (R'Line') = ('PT Schimmelseinheit')
246
47 sleep 100
48 local Line = 'Line' + 1
49 putexcel (B'Line') = ('Fruchtbarkeit')
50 putexcel (C'Line') = ('SDDo Bakterienseinheit')
51 putexcel (D'Line') = ('SDDo Heferseinheit')
52 putexcel (E'Line') = ('SDDo Bak Heferseinheit')
53 putexcel (F'Line') = ('SDDo Schimmelseinheit')
248
54 putexcel (G'Line') = ('SDm Bakterienseinheit')
55 putexcel (H'Line') = ('SDm Heferseinheit')
56 putexcel (I'Line') = ('SDm Bak Heferseinheit')
57 putexcel (J'Line') = ('SDm Schimmelseinheit')
58
249 putexcel (K'Line') = ('SPT Bakterienseinheit')
59 putexcel (L'Line') = ('SPT Heferseinheit')
60 putexcel (M'Line') = ('SPT Bak Heferseinheit')
61 putexcel (N'Line') = ('SPT Schimmelseinheit')
62
250 putexcel (O'Line') = ('PMW Bakterienseinheit')
63 putexcel (P'Line') = ('PMW Heferseinheit')
64 putexcel (Q'Line') = ('PMW Bak Heferseinheit')
65 putexcel (R'Line') = ('PMW Schimmelseinheit')
66
251 sleep 100
67 local Line = 'Line' + 1
68 putexcel (B'Line') = ('Q1 Quartile')
69 putexcel (C'Line') = ('Q1Do Bakterienseinheit')
70 putexcel (D'Line') = ('Q1Do Heferseinheit')
71 putexcel (E'Line') = ('Q1Do Bak Heferseinheit')
72 putexcel (F'Line') = ('Q1Do Schimmelseinheit')
253
73 putexcel (G'Line') = ('Q1m Bakterienseinheit')
74 putexcel (H'Line') = ('Q1m Heferseinheit')
75 putexcel (I'Line') = ('Q1m Bak Heferseinheit')
76 putexcel (J'Line') = ('Q1m Schimmelseinheit')
254
77 putexcel (K'Line') = ('Q1T Bakterienseinheit')
78 putexcel (L'Line') = ('Q1T Heferseinheit')
79 putexcel (M'Line') = ('Q1T Bak Heferseinheit')
80 putexcel (N'Line') = ('Q1T Schimmelseinheit')
81
255 sleep 100
82 local Line = 'Line' + 1
83 putexcel (B'Line') = ('Median')
84 putexcel (C'Line') = ('Q2Do Bakterienseinheit')
85 putexcel (D'Line') = ('Q2Do Heferseinheit')
86 putexcel (E'Line') = ('Q2Do Bak Heferseinheit')
87 putexcel (F'Line') = ('Q2Do Schimmelseinheit')
88

```

```

257 putexcel (G'Line') = ('Q2m Bakterienseinheit')
89 putexcel (H'Line') = ('Q2m Heferseinheit')
90 putexcel (I'Line') = ('Q2m Bak Heferseinheit')
91 putexcel (J'Line') = ('Q2m Schimmelseinheit')
258
92 putexcel (K'Line') = ('Q2T Bakterienseinheit')
93 putexcel (L'Line') = ('Q2T Heferseinheit')
94 putexcel (M'Line') = ('Q2T Bak Heferseinheit')
95 putexcel (N'Line') = ('Q2T Schimmelseinheit')
259
96 sleep 100
97 local Line = 'Line' + 1
98 putexcel (B'Line') = ('Q3 Quartile')
99 putexcel (C'Line') = ('Q3Do Bakterienseinheit')
100 putexcel (D'Line') = ('Q3Do Heferseinheit')
101 putexcel (E'Line') = ('Q3Do Bak Heferseinheit')
102 putexcel (F'Line') = ('Q3Do Schimmelseinheit')
103
261 putexcel (G'Line') = ('Q3m Bakterienseinheit')
104 putexcel (H'Line') = ('Q3m Heferseinheit')
105 putexcel (I'Line') = ('Q3m Bak Heferseinheit')
106 putexcel (J'Line') = ('Q3m Schimmelseinheit')
107
262 putexcel (K'Line') = ('Q3T Bakterienseinheit')
108 putexcel (L'Line') = ('Q3T Heferseinheit')
109 putexcel (M'Line') = ('Q3T Bak Heferseinheit')
110 putexcel (N'Line') = ('Q3T Schimmelseinheit')
111
263 sleep 100
112 local Line = 'Line' + 1
113 putexcel (B'Line') = ('Q4 Quartile')
114 putexcel (C'Line') = ('Q4Do Bakterienseinheit')
115 putexcel (D'Line') = ('Q4Do Heferseinheit')
116 putexcel (E'Line') = ('Q4Do Bak Heferseinheit')
117 putexcel (F'Line') = ('Q4Do Schimmelseinheit')
265
118 putexcel (G'Line') = ('Q4m Bakterienseinheit')
119 putexcel (H'Line') = ('Q4m Heferseinheit')
120 putexcel (I'Line') = ('Q4m Bak Heferseinheit')
121 putexcel (J'Line') = ('Q4m Schimmelseinheit')
266
122 putexcel (K'Line') = ('Q4T Bakterienseinheit')
123 putexcel (L'Line') = ('Q4T Heferseinheit')
124 putexcel (M'Line') = ('Q4T Bak Heferseinheit')
125 putexcel (N'Line') = ('Q4T Schimmelseinheit')
126
267 > .back**
127 putexcel (A'Line') = ('Q1T Bakterienseinheit')
128 putexcel (B'Line') = ('Q1T Heferseinheit')
129 putexcel (C'Line') = ('Q1T Schimmelseinheit')
130
268 sleep 100

```

Bakterien / Blatt	
Percentile	Smallest
1%	0
5%	0
10%	0
25%	62.5
50%	100
75%	237.5
90%	725
95%	1112.5
99%	1225
	Mean
	231.25
	Std. Dev.
	324.7342
	Variance
	105452.3
	Skewness
	2.167686
	Kurtosis
	6.682242

Bakterien / Blatt	
Percentile	Smallest
1%	0
5%	0
10%	0
25%	62.5
50%	100
75%	237.5
90%	725
95%	1112.5
99%	1225
	Mean
	231.25
	Std. Dev.
	324.7342
	Variance
	105452.3
	Skewness
	2.167686
	Kurtosis
	6.682242

Percentiles		Smallest		Bakterien / Blatt	
1%	0	0	0	0	20
5%	0	0	0	0	20
10%	0	0	0	0	20
25%	0	0	0	0	20
50%	25	83.75	114.7867	Mean	83.75
75%	137.5	175	13175.89	Std. Dev.	114.7867
90%	350	450	275	Variance	13175.89
95%	337.5	275	1.502648	Skewness	275
99%	400	400	4.189634	Kurtosis	1.502648

Percentiles		Smallest		Bakterien / Blatt	
1%	0	0	0	0	40
5%	0	0	0	0	40
10%	0	0	0	0	40
25%	25	0	0	0	40
50%	75	251.7376	251.7376	Mean	157.5
75%	212.5	400	63371.79	Std. Dev.	251.7376
90%	350	450	2.937537	Variance	63371.79
95%	1225	1000	11.93281	Skewness	2.937537
99%	1225	1225		Kurtosis	11.93281

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	83.75	25.66709	114.7867	30.02817 137.4718
Drosera	20	231.25	72.61278	324.7342	79.26971 383.2303
combined	40	157.5	39.8032	251.7376	76.99043 238.0096
diff		-147.5	77.01568		-303.4101 8.410087

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -1.9152
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 38
 Pr(T < t) = 0.0315 Pr(|T| > |t|) = 0.0630 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9685 Pr(T < -t) = 0.9685

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	332.5	410
Drosera obla	20	487.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -22.25
 adjusted variance 1343.72
 Ho: Baktes-t(Att=Drosera.madagascariensis) = Baktes-t(Att=Drosera.oblaanceolata)
 z = -2.114
 Prob > |z| = 0.0345

Percentiles		Smallest		Hefen / Blatt	
1%	0	0	0	0	20
5%	0	0	0	0	20
10%	0	0	0	0	20
25%	0	0	0	0	20
50%	25	1249.433	536.25	Mean	536.25
75%	375	625	1249.433	Std. Dev.	1249.433
90%	2162.5	625	1561084	Variance	1561084
95%	4087.5	3500	2.590987	Skewness	2.590987
99%	4625	4625	8.252001	Kurtosis	8.252001

Percentiles		Smallest		Hefen / Blatt	
1%	0	0	0	0	20
5%	0	0	0	0	20
10%	0	0	0	0	20
25%	0	0	0	0	20
50%	0	0	725.9295	Mean	725.9295
75%	0	0	526973.7	Std. Dev.	725.9295
90%	125	0	4.090718	Variance	526973.7
95%	1750	250	17.84052	Skewness	4.090718
99%	3530	3250		Kurtosis	17.84052

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	175	162.3228	725.9295	-164.7455 514.7455
Drosera	20	536.25	279.3818	1249.433	-48.50284 1121.003
combined	40	355.625	162.0741	1025.047	27.79916 683.4508
diff		-361.25	323.1143		-1015.361 292.8608

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 38
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.1333 Pr(|T| > |t|) = 0.2706 Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = 0.8667

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	324	410
Drosera obla	20	496	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -22.25
 adjusted variance 1343.72
 Ho: Baktes-t(Att=Drosera.madagascariensis) = Baktes-t(Att=Drosera.oblaanceolata)
 z = -2.114
 Prob > |z| = 0.0345

unadjusted variance **1466.57**
 adjustment for ties **-480.26**
 adjusted variance **946.41**
 Ho: Hefen_t(Att=Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Att=Drosera oblancoelata)
 H0: Hefen_z = **-2.795**
 Prob > |z| = **0.0052**

Bak_Hefen / Blatt	
Percentiles	Smallest
1%	0
5%	0
10%	12.5
25%	75
50%	250
75%	362.5
90%	3200
95%	4675
99%	5075
Largest	
Mean	1474.467
Std. Dev.	745
Variance	2174053
Skewness	4.745723
Kurtosis	7.245723

Bak_Hefen / Blatt	
Percentiles	Smallest
1%	0
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	37.5
75%	162.5
90%	462.5
95%	1600
99%	2550
Largest	
Mean	223.75
Std. Dev.	569.1334
Variance	323912.8
Skewness	3.677143
Kurtosis	15.49263

Bak_Hefen / Blatt	
Percentiles	Smallest
1%	0
5%	0
10%	0
25%	25
50%	87.5
75%	312.5
90%	3662.5
95%	4775
99%	5075
Largest	
Mean	484.375
Std. Dev.	1134.295
Variance	1286626
Skewness	3.271549
Kurtosis	12.77075

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	223.75	127.8521	569.1334	-42.61263 490.1126
Drosera	20	745	339.7008	1074.467	54.92825 1435.072
combined	40	484.375	179.3477	1134.295	121.6099 847.1401
diff		-521.25	353.4095		-1236.69 194.1901

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.0742
 Pr(|T| > |t|) = 0.1485
 degrees of freedom = 38
 Pr(T > t) = 0.9258

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Att	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	319	410
Drosera obla	20	501	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-13.97**
 adjusted variance **1352.69**
 Ho: Bak_He-t(Att=Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Att=Drosera oblancoelata)
 H0: Bak_He-z = **-2.474**
 Prob > |z| = **0.0134**

Schimmel / Blatt	
Percentiles	Smallest
1%	0
5%	6.25
10%	12.5
25%	12.5
50%	43.75
75%	168.75
90%	468.75
95%	468.75
99%	512.5
Largest	
Mean	121.25
Std. Dev.	153.0985
Variance	23430.14
Skewness	1.446639
Kurtosis	3.785047

Schimmel / Blatt	
Percentiles	Smallest
1%	0
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	56.25
75%	131.25
90%	168.75
95%	250
99%	312.5
Largest	
Mean	78.325
Std. Dev.	81.19358
Variance	6593.339
Skewness	1.256285
Kurtosis	4.371195

Schimmel / Blatt	
Percentiles	Smallest
1%	0
5%	6.25
10%	12.5
25%	0
50%	50
75%	137.5
90%	281.25
95%	400
99%	512.5
Largest	
Mean	99.6875
Std. Dev.	122.5149
Variance	15108.07
Skewness	1.802735
Kurtosis	5.731582

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	62.5
75%	112.5
90%	150
95%	175
99%	200

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	20
Sum of Wgt.	20
Mean	59.93417
Std. Dev.	70
Largest	125
Variance	3592.105
Skewness	.4298416
Kurtosis	2.21378

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	50
75%	125
90%	200
95%	300
99%	400

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	40
Sum of Wgt.	40
Mean	630.4048
Std. Dev.	220
Largest	800
Variance	397410.3
Skewness	5.099724
Kurtosis	29.77878

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]	
Drosera	20	13.40169	59.93417	41.94094	98.05006	
Drosera	20	195.5475	874.5149	-39.28557	779.2856	
combined	40	220	99.67576	630.4048	18.38675	421.6132
diff		-300	196.0062		-696.7938	96.79376

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 degrees of freedom = 38
 Pr(T < t) = 0.0671
 Pr(|T| > |t|) = 0.1342
 Pr(T > t) = 0.9329

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	413	410
Drosera obla	20	407	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -46.41
 adjusted variance 1320.26
 Ho: Bakter-t(Art=Drosera madagascaensis) = Bakter-t(Art=Drosera oblaeolata)
 z = 0.982
 Prob > |z| = 0.3242

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	75
75%	162.5
90%	1675
95%	3225
99%	3450

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	20
Sum of Wgt.	20
Mean	502.5
Std. Dev.	1289.403
Largest	425
Variance	1662259
Skewness	3.186257
Kurtosis	12.28419

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	125
90%	750
95%	950
99%	1125

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	20
Sum of Wgt.	20
Mean	187.5
Std. Dev.	344.267
Largest	750
Variance	118519.7
Skewness	1.667202
Kurtosis	4.239888

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	137.5
90%	862.5
95%	1725
99%	5450

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	40
Sum of Wgt.	40
Mean	945.0648
Std. Dev.	345
Largest	950
Variance	89217.4
Skewness	1.667202
Kurtosis	23.00847

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]	
Drosera	20	167.5	76.98043	344.267	348.6219	
Drosera	20	502.5	288.3192	1289.403	-100.959	1105.959
combined	40	345	149.4279	945.0648	42.75362	647.2464
diff		-315	298.4191		-919.1178	289.1178

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 degrees of freedom = 38
 Pr(T < t) = 0.1489
 Pr(|T| > |t|) = 0.2978
 Pr(T > t) = 0.8511

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	372	410
Drosera obla	20	448	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-80.77**
 adjusted variance **1285.90**
 Ho: Hefen_t(Art==Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Art==Drosera oblanceolata)
 z = **-1.060**
 Prob > |z| = **0.2893**

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	25
50%	62.5
75%	763.75
90%	1651.683
95%	2728058
99%	2.625794
99%	8.505502

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	12.5
25%	37.5
50%	100
75%	212.5
90%	875
95%	17952.3
99%	3.180519
99%	950

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	25
50%	87.5
75%	500
90%	912.5
95%	2775
99%	6275

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	243.75	73.46846	328.561	89.97874 397.5213
Drosera	20	763.75	369.3276	1651.683	-9.261557 1536.762
combined	40	503.75	190.4586	1204.566	118.3111 888.9889
diff		-520	376.5641		-1282.314 242.3141

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = **-1.3809**
 Ha: diff < 0
 Pr(T < T) = **0.0877** Pr(|T| > |t|) = **0.1754** Pr(T > T) = **0.9123**

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
 Drosera mada 20 408.5 410
 Drosera obla 20 411.5 410
 combined 40 820 820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-15.38**
 adjusted variance **1351.28**
 Ho: Bak_He-t(Art==Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Art==Drosera oblanceolata)
 z = **-0.0675**
 Prob > |z| = **0.9675**

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	189.375
90%	405.194
95%	164182.2
99%	2.884207
99%	10.94238

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	12.5
75%	343.75
90%	1493.75
95%	1493.75
99%	1625

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	12.5
75%	231.25
90%	1037.5
95%	1493.75
99%	1700

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-15.38**
 adjusted variance **1351.28**
 Ho: Bak_He-t(Art==Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Art==Drosera oblanceolata)
 z = **-0.0675**
 Prob > |z| = **0.9675**

Bakterien / Blatt		
Percentiles	Smallest	
1%	0	
5%	0	
10%	0	20
25%	0	20
50%	0	375
75%	0	1624.706
90%	112.5	9659.671
95%	3737.5	4.124855
99%	7275	18.02549
	Largest	
Mean		1624.706
Std. Dev.		375
Variance		9659.671
Skewness		4.124855
Kurtosis		18.02549

Bakterien / Blatt		
Percentiles	Smallest	
1%	0	
5%	0	
10%	0	40
25%	0	40
50%	0	189.375
75%	0	1149.511
90%	25	2
95%	112.5	1321375
99%	7275	6.0775
	Largest	
Mean		189.375
Std. Dev.		1149.511
Variance		2
Skewness		6.0775
Kurtosis		37.96641

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	375	363.2954	1624.706	-385.386 1135.386
Drosera	20	3.75	2.047945	9.158689	-536.983 8.036398
combined	40	189.375	181.7536	1149.511	-178.2563 557.0063
diff		371.25	363.3012		-364.2148 1106.715

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.8434
 degrees of freedom = 38
 Pr(T > t) = 0.1566

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	413	410
Drosera obla	20	407	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -840.38
 adjusted variance 526.28
 Ho: Baktes-t(Att=Drosera.madagascariensis) = Baktes-t(Att=Drosera.oblaanceolata)
 z = 0.131
 Prob > |z| = 0.8960

Hefen / Blatt		
Percentiles	Smallest	
1%	0	
5%	0	
10%	0	20
25%	0	20
50%	0	198.75
75%	25	723.0907
90%	262.5	175
95%	1600	529869.2
99%	3250	4.041464
	Largest	
Mean		198.75
Std. Dev.		723.0907
Variance		529869.2
Skewness		4.041464
Kurtosis		17.57015

Hefen / Blatt		
Percentiles	Smallest	
1%	0	
5%	0	
10%	0	20
25%	0	20
50%	0	541.25
75%	500	1334.751
90%	1375	1175
95%	3687.5	1728571
99%	5800	3.441811
	Largest	
Mean		541.25
Std. Dev.		1334.751
Variance		1728571
Skewness		3.441811
Kurtosis		14.22347

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	541.25	293.9873	1314.751	-74.0725 1156.573
Drosera	20	198.75	161.688	723.0907	-139.6669 537.1669
combined	40	370	167.8489	1061.569	30.49365 709.5063
diff		342.5	335.5168		-336.7183 1021.718

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.8431
 degrees of freedom = 38
 Pr(T > t) = 0.1569

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	434.5	410
Drosera obla	20	385.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -840.38
 adjusted variance 526.28
 Ho: Baktes-t(Att=Drosera.madagascariensis) = Baktes-t(Att=Drosera.oblaanceolata)
 z = 0.131
 Prob > |z| = 0.8960

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-231.67**
 adjusted variance **1135.00**
 Ho: Hefen_t(Att=Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Att=Drosera oblancoelata)
 Z = **0.727**
 Prob > |z| = **0.4671**

Percentiles		Bak_Hefen / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	0	0
10%	0	0	0
25%	0	0	0
50%	0	0	0
75%	25	Largest	176.25
90%	137.5	Mean	684.1473
95%	468.075	Std. Dev.	176.25
99%	1785.875	Variance	468057.6
		Skewness	4.085878
		Kurtosis	17.85878

Percentiles		Bak_Hefen / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	0	0
10%	0	0	0
25%	0	0	0
50%	0	0	0
75%	437.5	Largest	897.5
90%	1462.5	Mean	2904.34
95%	7425	Std. Dev.	8435191
99%	13075	Variance	3.960685
		Skewness	17.12942
		Kurtosis	17.12942

Percentiles		Bak_Hefen / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	0	0
10%	0	0	0
25%	0	0	0
50%	0	0	0
75%	112.5	Largest	536.875
90%	425	Mean	2114.442
95%	2425	Std. Dev.	1150
99%	13075	Variance	447085
		Skewness	5.45253
		Kurtosis	32.57561

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	897.5	640.4302	3904.24	2262.703
Drosera	20	176.25	152.98	684.1473	466.4408
combined	40	536.875	334.3226	2114.442	-139.3564
diff		721.25	667.2049		-629.4358
					2071.936

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = **0.8567**
 Pr(T > t) = **0.1433**

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	485	410
Drosera obla	20	385	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-231.67**
 adjusted variance **1134.87**
 Ho: Bak_He-t(Att=Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Att=Drosera oblancoelata)
 Z = **0.742**
 Prob > |z| = **0.4560**

Percentiles		Schimmel / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	0	0
10%	0	0	0
25%	6.25	0	0
50%	87.5	Largest	426.25
75%	137.5	Mean	932.1108
90%	468.075	Std. Dev.	866893.6
95%	2012.5	Variance	3.66509
99%	3950	Skewness	11.66132
		Kurtosis	11.66132

Percentiles		Schimmel / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	0	0
10%	0	0	0
25%	0	0	0
50%	6.25	Largest	176.875
75%	287.5	Mean	285.0875
90%	606.25	Std. Dev.	69215.05
95%	756.25	Variance	1.22887
99%	857.5	Skewness	3.36626
		Kurtosis	3.36626

Percentiles		Schimmel / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	0	0
10%	0	0	0
25%	0	0	0
50%	43.75	Largest	301.5625
75%	337.5	Mean	687.7079
90%	637.5	Std. Dev.	472942.2
95%	1356.25	Variance	4.163942
99%	3950	Skewness	21.56622
		Kurtosis	21.56622

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	897.5	640.4302	3904.24	2262.703
Drosera	20	176.25	152.98	684.1473	466.4408
combined	40	536.875	334.3226	2114.442	-139.3564
diff		721.25	667.2049		-629.4358
					2071.936

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = **0.8567**
 Pr(T > t) = **0.1433**

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	231.25	72.6278	324.7442	79.26971 383.2303
Behandelt	20	189.375	370	974.5449	-39.26957 779.26956
combined	40	300.625	103.5488	654.8999	91.17786 510.0721
diff		-138.75	208.9939		-561.0264 283.5264
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.6652
Ho: diff = 0					Degrees of Freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.7450
Pr(T < t) = 0.2550					Pr(T > t) = 0.7450

local PValue = round(r(p), 0.001)

putexcel('C'Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

274 ttest: HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	585.25	278.9818	1249.453	-48.50684 1151.003
Behandelt	20	592.5	268.2392	1289.403	-100.959 1105.959
combined	40	519.375	198.1656	1253.31	118.5472 920.2028
diff		33.75	401.475		-778.9936 846.4936
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = 0.0841
Ho: diff = 0					Degrees of Freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.4667
Pr(T < t) = 0.5333					Pr(T > t) = 0.4667

local PValue = round(r(p), 0.001)

putexcel('D'Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

275 ttest: Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	745	329.7098	1474.457	54.89825 1432.072
Behandelt	20	763.75	369.3206	1651.683	-9.261557 1536.762
combined	40	754.375	244.3511	1545.412	260.1283 1248.622
diff		-18.75	495.0813		-1020.99 983.4897
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.0379
Ho: diff = 0					Degrees of Freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.5150
Pr(T < t) = 0.4850					Pr(T > t) = 0.5150

local PValue = round(r(p), 0.001)

putexcel('E'Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

276 ttest: HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	121.25	34.23386	153.0985	49.59771 192.9023
Behandelt	20	189.375	90.60413	405.134	-26.8161 379.0116
combined	40	155.3125	48.11321	304.2947	57.99434 252.6307
diff		-68.125	96.8559		-264.1995 127.9495
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.7034
Ho: diff = 0					Degrees of Freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.4861
Pr(T < t) = 0.2431					Pr(T > t) = 0.7569

local PValue = round(r(p), 0.001)

putexcel('F'Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

277 ttest: BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	83.75	25.66709	114.7867	30.08817 137.4718
Behandelt	20	70	15.40169	59.39417	41.34994 98.65006
combined	40	76.875	14.33313	90.65069	47.8835 105.8665
diff		13.75	28.95522		-44.86577 72.36677
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = 0.4749
Ho: diff = 0					Degrees of Freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.3188
Pr(T < t) = 0.6812					Pr(T > t) = 0.3188

local PValue = round(r(p), 0.001)

putexcel('G'Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

278 ttest: HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	175	162.9298	725.9295	-164.9155 514.7455
Behandelt	20	187.5	76.98043	344.267	26.37811 348.6219
combined	40	181.25	88.67232	560.813	1.893302 360.6067
diff		-12.5	179.6515		-376.1855 351.1855
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.0696
Ho: diff = 0					Degrees of Freedom = 38

```

Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.4724 Pr(|T| > |t|) = 0.9449 Ha: diff != 0
local PValue = round(r(p), 0.001) Pr(T > t) = 0.5276
288 putexcel('H Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
289 ttest Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	293.75	127.2621	569.1284	-42.61263 490.1126
Behandelt	20	243.75	73.48664	326.3661	89.97874 397.5233
combined	40	233.75	72.54281	458.801	87.01831 380.4817
diff			-20	146.9464	-317.4775 277.4775

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.4462 Pr(|T| > |t|) = 0.8925 degrees of freedom = 38
Pr(T > t) = 0.5538
local PValue = round(r(p), 0.001)

```

```

291 putexcel('I Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
292 ttest SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	78.125	18.14573	81.18928	40.12952 116.1205
Behandelt	20	305	116.4984	520.9968	61.16607 548.8329
combined	40	191.5625	60.96084	385.5502	68.25757 314.8674
diff			-226.875	117.9048	-465.5608 11.81079

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0309 Pr(|T| > |t|) = 0.0618 degrees of freedom = 38
Pr(T > t) = 0.9691
local PValue = round(r(p), 0.001)

```

```

294 putexcel('J Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
295 ttest BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> g)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	484.375	179.3477	1134.295	121.6099 847.1401
Behandelt	40	593.75	190.4386	1204.586	118.5311 868.9689
combined	80	494.0625	129.9783	1162.571	235.3451 752.7799
diff			-19.375	261.6106	-540.2017 501.4517

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff < 0
Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.4706 Pr(|T| > |t|) = 0.9412 degrees of freedom = 78
Pr(T > t) = 0.5294

```

```

Two-sample t test with equal variances
Group Obs Mean Std. Err. Std. Dev. [95% Conf. Interval]
Unbehandelt 40 157.5 39.8032 251.7376 76.99043 238.0096
Behandelt 40 220 99.67576 630.4048 18.38675 421.6132
combined 80 188.75 55.43964 477.9787 82.38106 295.1189
diff -62.5 107.3292 -276.176 151.176

```

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.2810 Pr(|T| > |t|) = 0.5620 degrees of freedom = 78
Pr(T > t) = 0.7190
local PValue = round(r(p), 0.001)

```

```

297 putexcel('K Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
298 ttest HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	355.625	162.0741	1025.047	27.78916 683.4608
Behandelt	40	345	145.4279	945.0648	42.75362 647.2464
combined	80	350.3125	109.5251	979.6222	132.3083 568.3167
diff			10.625	220.4466	-428.2505 449.5005

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.5192 Pr(|T| > |t|) = 0.9617 degrees of freedom = 78
Pr(T > t) = 0.4808
local PValue = round(r(p), 0.001)

```

```

300 putexcel('L Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
301 ttest Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	484.375	179.3477	1134.295	121.6099 847.1401
Behandelt	40	593.75	190.4386	1204.586	118.5311 868.9689
combined	80	494.0625	129.9783	1162.571	235.3451 752.7799
diff			-19.375	261.6106	-540.2017 501.4517

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff < 0
Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.4706 Pr(|T| > |t|) = 0.9412 degrees of freedom = 78
Pr(T > t) = 0.5294

```

```

303 local PValue = round(r(p), 0.001)
304 putexcel (M'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
305 test SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 40 | 99.6875 | 19.43455 | 122.9149 | 60.37741 | 138.9976 |
| Behandelt | 40 | 247.1875 | 73.42563 | 464.3845 | 98.67014 | 395.7049 |
| combined | 80 | 173.4375 | 38.6374 | 345.5834 | 96.53167 | 250.3433 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | -147.5 | 75.9541 | | | -298.713 | 3.712999 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | | degrees of freedom = 78 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.0279 | | | | | | | Pr(T > t) = 0.0558 |
| local PValue = round(r(p), 0.001) | | | | | | | |
306 local Line = 'Line' + 1
307 putexcel (M'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
308 local Line = 'Line' + 1
309 sleep 100
310
311 * Vergleich der Zeitpunkte mittels T-Test
312 putexcel (B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
313 test BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 231.25 | 72.61278 | 324.7342 | 79.26871 | 383.2303 |
| Behandelt | 20 | 3.75 | 2.047945 | 9.158689 | -1.536398 | 8.036398 |
| combined | 40 | 117.5 | 40.21377 | 254.3342 | 36.15997 | 198.84 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 227.5 | 72.64165 | | | 80.44467 | 374.5553 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | | degrees of freedom = 38 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.9983 | | | | | | | Pr(T > t) = 0.0033 |
| local PValue = round(r(p), 0.001) | | | | | | | |
315

```

```

316 putexcel (C'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
317 test RefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 536.25 | 279.3818 | 1249.433 | -48.50284 | 1121.003 |
| Behandelt | 20 | 196.75 | 161.688 | 723.0907 | -139.6669 | 537.1669 |
| combined | 40 | 367.5 | 161.9907 | 1021.989 | 40.65206 | 694.3479 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 337.5 | 322.7959 | | | -315.9662 | 990.9662 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | | degrees of freedom = 38 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.0468 | | | | | | | Pr(T > t) = 0.1512 |
| local PValue = round(r(p), 0.001) | | | | | | | |
318 local Line = 'Line' + 1
319 putexcel (D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
320 test Bak_HerfensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 745 | 329.7008 | 1474.467 | 54.92825 | 1435.072 |
| Behandelt | 20 | 176.25 | 152.88 | 684.1473 | -143.9408 | 486.4408 |
| combined | 40 | 460.625 | 185.076 | 1170.523 | 86.27351 | 834.9765 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 568.75 | 363.4632 | | | -167.0428 | 1304.543 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | | degrees of freedom = 38 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.9370 | | | | | | | Pr(T > t) = 0.0630 |
| local PValue = round(r(p), 0.001) | | | | | | | |
321 local Line = 'Line' + 1
322 putexcel (E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
323 test SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 121.25 | 34.23386 | 153.0985 | 49.59771 | 192.9023 |
| Behandelt | 20 | 426.25 | 208.4263 | 932.1108 | -9.991295 | 862.4913 |
| combined | 40 | 273.75 | 107.0687 | 677.1618 | 57.18316 | 490.3168 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | -305 | 211.219 | | | -732.5906 | 122.5906 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | | degrees of freedom = 38 |
| Ha: diff > 0 | | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.9983 | | | | | | | Pr(T > t) = 0.0017 |
| local PValue = round(r(p), 0.001) | | | | | | | |
324

```

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0785 Pr(|T| > |t|) = 0.1569 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9215
 324 local PValue = round(r(p), 0.001)
 325 putexcel('F'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 326 test: BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	83.75	25.6709	114.7667	30.09817 137.4718
Behandelt	20	375	365.2994	1624.700	-365.386 1135.386
combined	40	229.375	181.2569	1146.37	-137.2518 596.0018
diff		-291.25	364.201		-1028.536 446.0363

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.2144 Pr(|T| > |t|) = 0.4289 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.7856
 local PValue = round(r(p), 0.001)
 327 putexcel('G'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 328 test: HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0785 Pr(|T| > |t|) = 0.1569 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9215
 324 local PValue = round(r(p), 0.001)
 325 putexcel('F'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 326 test: BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	175	162.3298	795.0985	-164.7455 514.7455
Behandelt	20	541.25	293.3873	1314.751	-74.0725 1156.573
combined	40	358.125	168.3189	1064.542	17.66796 698.582
diff		-366.25	335.8232		-1046.089 313.5885

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1412 Pr(|T| > |t|) = 0.2823 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.8588
 local PValue = round(r(p), 0.001)
 330 putexcel('H'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 331 test: Bak_HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0585 Pr(|T| > |t|) = 0.1170 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9415
 336 local PValue = round(r(p), 0.001)
 337 putexcel('J'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 338 test: BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	157.5	39.8032	251.7376	76.99043 238.0096
Behandelt	40	189.375	181.7536	1149.511	-178.2563 557.0063
combined	80	173.4375	92.45717	826.962	-10.59388 357.4689
diff		-31.875	186.0609		-402.2938 338.5438

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.4322 Pr(|T| > |t|) = 0.8644 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.5678

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1575 Pr(|T| > |t|) = 0.3151 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.8425
 333 local PValue = round(r(p), 0.001)
 334 putexcel('I'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 335 test: SchmeissEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	223.75	127.2621	569.1334	-42.61263 490.1126
Behandelt	20	897.5	649.4302	2904.34	-461.773 2256.773
combined	40	560.625	331.0457	2093.717	-108.9781 1230.228
diff		-673.75	661.7818		-2013.457 665.9573

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1575 Pr(|T| > |t|) = 0.3151 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.8425
 local PValue = round(r(p), 0.001)
 334 putexcel('I'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 335 test: SchmeissEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0585 Pr(|T| > |t|) = 0.1170 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9415
 336 local PValue = round(r(p), 0.001)
 337 putexcel('J'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 338 test: BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	78.125	18.15673	81.19938	40.12252 116.1275
Behandelt	20	176.875	58.82816	263.0875	53.74625 300.0038
combined	40	127.5	31.39773	198.5767	63.9921 191.0079
diff		-98.75	61.56638		-223.3846 25.88462

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0585 Pr(|T| > |t|) = 0.1170 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9415
 local PValue = round(r(p), 0.001)
 336 putexcel('J'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 337 test: BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1412 Pr(|T| > |t|) = 0.2823 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.8588
 330 local PValue = round(r(p), 0.001)
 331 putexcel('H'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 332 test: Bak_HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	157.5	39.8032	251.7376	76.99043 238.0096
Behandelt	40	189.375	181.7536	1149.511	-178.2563 557.0063
combined	80	173.4375	92.45717	826.962	-10.59388 357.4689
diff		-31.875	186.0609		-402.2938 338.5438

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.4322 Pr(|T| > |t|) = 0.8644 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.5678

```

339 local PValue = round(r(p), 0.001)
340 putexcel (K'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
341 test: HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances

```

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	355.625	162.0741	1025.047	27.79916 663.4508
Behandelt	40	370	167.8469	1061.569	30.49365 709.5063
combined	80	362.8125	115.9253	1036.868	132.0689 593.5561

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.4755 Pr(|T| > |t|) = 0.9510
degrees of freedom = 78
t = -0.0616

```

```

342 local PValue = round(r(p), 0.001)
343 putexcel (L'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
344 test: Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances

```

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	484.375	179.3477	1134.295	121.6099 847.1401
Behandelt	40	536.875	334.3226	2114.442	-139.3564 1213.106
combined	80	510.625	188.514	1686.121	135.3972 895.8528

```

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.4451 Pr(|T| > |t|) = 0.8903
degrees of freedom = 78
t = -0.1384

```

```

348 local PValue = round(r(p), 0.001)
349 putexcel (N'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
350 local Line = 'Line' + 1
351 sleep 100
352 putexcel (B'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
353 putexcel (C'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
354 test: BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
>
Two-sample t test with equal variances

```

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	370	195.5475	874.5149	-39.28557 779.2856
Behandelt	20	375	2.047945	9.158669	-5363983 8.036398
combined	40	186.875	100.8735	637.9803	-17.16099 390.911

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.9656 Pr(|T| > |t|) = 0.0688
degrees of freedom = 38
t = 1.8728

```

```

355 local PValue = round(r(p), 0.001)
356 putexcel (C'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
357 test: HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
>
Two-sample t test with equal variances

```

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	502.5	288.3192	1289.403	-100.959 1105.959
Behandelt	20	198.75	161.888	723.0907	-439.8669 537.1669
combined	40	350.625	164.9507	1043.24	16.98077 684.2692

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.8180 Pr(|T| > |t|) = 0.3639
degrees of freedom = 38
t = 0.9189

```

```

359 putexcel('D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
360 test: Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	763.75	369.3276	1651.683	-9.261557 1536.762
Behandelt	20	176.25	152.98	684.1473	-143.9408 496.4408
combined	40	470	202.829	1282.803	59.73972 880.2603
diff		587.5	399.7571		-221.766 1396.766

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Pr(T < t) = 0.9251
Pr(T > t) = 0.0749
local PValue = round(r(p), 0.001)
t = 1.4696
degrees of freedom = 38
Ha: diff > 0

```

```

361 local PValue = round(r(p), 0.001)
362 putexcel('E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
363 test: SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	189.375	90.60413	405.1194	-2616161 379.0116
Behandelt	20	426.25	208.4263	932.1108	-9.391295 862.4913
combined	40	307.8125	113.7596	719.4788	77.71202 537.913
diff		-236.875	227.2678		-696.9545 223.2045

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Pr(T < t) = 0.1519
Pr(T > t) = 0.8481
local PValue = round(r(p), 0.001)
t = -1.0423
degrees of freedom = 38
Ha: diff > 0

```

```

364 local PValue = round(r(p), 0.001)
365 putexcel('F'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
366 test: BakteriensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	70	13.40169	59.93417	41.94994 98.05006
Behandelt	20	375	565.2954	1624.706	-385.386 1135.386
combined	40	222.5	181.0798	1145.249	-143.7685 568.7685
diff		-305	563.5425		-1040.953 430.9533

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Pr(T < t) = 0.8390
Pr(T > t) = 0.1610
local PValue = round(r(p), 0.001)
t = -0.8390
degrees of freedom = 38
Ha: diff > 0

```

```

367 local PValue = round(r(p), 0.001)
368 putexcel('G'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
369 test: HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	197.5	75.98043	344.267	-63.30931 348.6519
Behandelt	20	541.25	293.9873	1314.751	-74.0725 1136.573
combined	40	364.375	152.6394	965.3764	55.63266 673.1173
diff		-353.75	303.8989		-968.9611 261.4611

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Pr(T < t) = 0.1258
Pr(T > t) = 0.2517
local PValue = round(r(p), 0.001)
t = -1.1640
degrees of freedom = 38
Ha: diff > 0

```

```

370 local PValue = round(r(p), 0.001)
371 putexcel('H'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
372 test: Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	243.75	73.46846	328.651	89.97934 397.593
Behandelt	20	897.5	649.4392	2904.34	-461.773 2256.773
combined	40	570.625	326.7886	2066.792	-90.36729 1231.617
diff		-653.75	653.5726		-1976.839 669.3386

```

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
Ho: diff = 0
Pr(T < t) = 0.1618
Pr(T > t) = 0.3235
local PValue = round(r(p), 0.001)
t = -1.0003
degrees of freedom = 38
Ha: diff > 0

```

```

373 local PValue = round(r(p), 0.001)
374 putexcel('I'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
375 test: SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ung)

```

```

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Behandel1  20      305      116.4984      520.9566      61.16607      548.8339
Behandel2  20      176.875   58.36516      263.0675      57.74625      380.1029
combined   40      240.9375  65.22426      412.5144      109.009      372.866
diff
diff = mean(Behandel1) - mean(Behandel2)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.8338      Pr(|T| > |t|) = 0.3324      Pr(T > t) = 0.1662
degrees of freedom = 38
t = 0.9817
local PValue = round(r(p), 0.001)
376
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
377
378 ttest BakterienSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Behandel1  40      220      99.67576      630.4048      18.38675      421.6132
Behandel2  40      189.375   181.7536      1149.511      -178.2563      557.0063
combined   80      204.6875  103.0019      921.2711      -332.6742      409.7077
diff
diff = mean(Behandel1) - mean(Behandel2)
Ho: diff = 0
Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.5585      Pr(|T| > |t|) = 0.8829      Pr(T > t) = 0.4415
degrees of freedom = 78
t = 0.1477
local PValue = round(r(p), 0.001)
379
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
380
381 ttest HefenSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Behandel1  40      345      149.4279      945.0648      42.75362      647.2464
Behandel2  40      370      167.8469      1061.569      30.49365      709.5063
combined   80      357.5     111.6586      988.7049      135.2491      579.7509
diff
diff = mean(Behandel1) - mean(Behandel2)
Ho: diff < 0
Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.4559      Pr(|T| > |t|) = 0.9117      Pr(T > t) = 0.5441
degrees of freedom = 78
t = -0.1112

```

```

382 local PValue = round(r(p), 0.001)
383 putexcel (L'Line') = (PValue)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
384 ttest Bak_HefenSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Behandel1  40      503.75   190.4586      1204.566      118.5111      888.9889
Behandel2  40      536.875   134.3226      2114.442      -139.3564      1213.106
combined   80      520.3125  191.1714      1709.889      139.7954      900.8296
diff
diff = mean(Behandel1) - mean(Behandel2)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.4658      Pr(|T| > |t|) = 0.9316      Pr(T > t) = 0.5342
degrees of freedom = 78
t = -0.0861
local PValue = round(r(p), 0.001)
385
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
386
387 ttest SchmeissEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Behandel1  40      247.1875  73.42563      464.3845      98.67014      395.7049
Behandel2  40      301.5625   108.7362      687.7079      81.62283      521.5022
combined   80      274.375   65.25794      583.6848      144.4823      404.2677
diff
diff = mean(Behandel1) - mean(Behandel2)
Ho: diff < 0
Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.3398      Pr(|T| > |t|) = 0.6797      Pr(T > t) = 0.6602
degrees of freedom = 78
t = -0.4144
local PValue = round(r(p), 0.001)
388
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
389
390 putexcel (N'Line') = (PValue)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
391 local Line = 'Line' + 1
392
393 * Vergleich der Zeitpunkte (Mann-Whitney-Test)

```

```

394 putexcel('A'Line') = ('Vergleich Zeitpunkte (MW-Test)')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
395 putexcel('B'Line') = ('UebBehandelt vs Behandelt')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
396 ranksum BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	453	410
Behandelt	20	367	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -27.56
adjusted variance 1339.10
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.2400

```

397 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)

```

```

398 putexcel('C'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

399 ranksum HefenEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlu
ng)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	394.5	410
Behandelt	20	425.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -77.56
adjusted variance 1289.10
Ho: Hefen_t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.6660

```

400 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)

```

```

401 putexcel('D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

402 ranksum Bak_HefenEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	445	410
Behandelt	20	375	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 1366.67  

adjustment for ties -9.36  

adjusted variance 1357.31  

Ho: Bak_Re-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_Re-t(Behand-g==Behandelt)  

Prob > |z| = 0.990

```

```

403 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)

```

```

404 putexcel('E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
405 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	465.5	410
Behandelt	20	354.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -39.74
adjusted variance 1326.92
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.1276

```

406 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)

```

```

407 putexcel('F'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
408 ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	393.5	410
Behandelt	20	426.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -41.07
adjusted variance 1325.00
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.6503

409 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
 410 putexcel('G:Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 411 ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > ngl)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	327	410
Behandelt	20	493	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67

adjustment for ties -421.41

adjusted variance 945.26

Ho: Hefen_~t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_~t(Behand-g==Behandelt)

Prob > |z| = 0.0069

412 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

413 putexcel('H:Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

414 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
 > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	357	410
Behandelt	20	463	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67

adjustment for ties -23.72

adjusted variance 1342.95

Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt)

Prob > |z| = 0.1481

415 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

416 putexcel('I:Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

417 ranksum SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behan
 > dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	425	410
Behandelt	20	395	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -351.77
 adjusted variance 1014.90
 Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt)
 Prob > |z| = 0.411

418 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

419 putexcel('J:Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

420 ranksum BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1708	1620
Behandelt	40	1532	1620
combined	80	3240	3240

unadjusted variance 10900.00

adjustment for ties -239.62

adjusted variance 10540.38

Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt)

Prob > |z| = 0.3914

421 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

422 putexcel('K:Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

423 ranksum HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1454.5	1620
Behandelt	40	1815.5	1620
combined	80	3240	3240

unadjusted variance 9218.23

adjustment for ties -1581.77

adjusted variance 7636.46

Ho: Hefen_~t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_~t(Behand-g==Behandelt)

Prob > |z| = 0.0417

424 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

```

425 putexcel('D:\Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
426 ranksum Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Unbehandelt | 40 1599 1620
Behandelt | 40 1641 1620
combined | 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -106.08
adjusted variance 10693.92
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.203
local PValue = round(normprob(-abs(r(z)))*2, 0.001)
427 putexcel('M\Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
428 ranksum SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Unbehandelt | 40 1767 1620
Behandelt | 40 1473 1620
combined | 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -285.06
adjusted variance 10514.94
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 1.434
local PValue = round(normprob(-abs(r(z)))*2, 0.001)
430 putexcel('H\Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
432 local Line = 'Line' + 1
434 sleep 100
435
436 putexcel('B\Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

437 ranksum BaktersEinheit if Art == 2 % (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Unbehandelt | 20 574 410
Behandelt | 20 246 410
combined | 40 820 820
unadjusted variance 13666.67
adjustment for ties -173.33
adjusted variance 1193.33
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 4.747
local PValue = round(normprob(-abs(r(z)))*2, 0.001)
438 putexcel('C\Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
440 ranksum HefensEinheit if Art == 2 % (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Unbehandelt | 20 451 410
Behandelt | 20 369 410
combined | 40 820 820
unadjusted variance 13666.67
adjustment for ties -177.95
adjusted variance 1188.72
Ho: Hefen_-t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.294
local PValue = round(normprob(-abs(r(z)))*2, 0.001)
441 putexcel('D\Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
443 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 % (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Unbehandelt | 20 553.5 410
Behandelt | 20 266.5 410
combined | 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -52.82
adjusted variance 1313.85

```

```

Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
> n)
Prob > |z| = 3.950
          = 0.0001

444 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
445 putexcel('E'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
446 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behan
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 398.5 410
Behandelt (1 20 421.5 410
combined 40 820 820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -211.15
adjusted variance 1355.51
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -0.312
Prob > |z| = 0.7548

447 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
448 putexcel('F'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
449 ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behan
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 513.5 410
Behandelt (1 20 306.5 410
combined 40 820 820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -264.62
adjusted variance 1102.05
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.118
Prob > |z| = 0.0018

450 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
451 putexcel('G'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

452 ranksum Hefefeinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlu
> ng)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 341 410
Behandelt (1 20 479 410
combined 40 820 820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -350.51
adjusted variance 846.15
Ho: Hefe-t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefe-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -2.372
Prob > |z| = 0.0177

453 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
454 putexcel('H'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
455 ranksum Bak_Hefefeinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behan
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 451 410
Behandelt (1 20 369 410
combined 40 820 820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -92.82
adjusted variance 1273.85
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.588
Prob > |z| = 0.5563

456 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
457 putexcel('I'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
458 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behan
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 426 410
Behandelt (1 20 394 410
combined 40 820 820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -50.77
adjusted variance 1315.90

```

```

Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.441
Prob > |z| = 0.6592
local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
459 putexcel (J'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
460 ranksum BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 40 2149.5 1620
Behandelt (1 40 1090.5 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -1700.51
adjusted variance 9099.49
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 5.551
Prob > |z| = 0.0000
462 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
463 putexcel (K'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
464 ranksum HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 40 1536 1620
Behandelt (1 40 1704 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -2492.15
adjusted variance 8307.85
Ho: Hefen_-t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -0.922
Prob > |z| = 0.3557
465 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
466 putexcel (L'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
467 ranksum Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 40 1927 1620
Behandelt (1 40 1313 1620
combined 80 3240 3240

```

```

unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -555.32
adjusted variance 10244.68
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.033
Prob > |z| = 0.0024
468 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
469 putexcel (M'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
470 ranksum SchimmelEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 40 1632.5 1620
Behandelt (1 40 1607.5 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -172.66
adjusted variance 10627.34
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.121
Prob > |z| = 0.9055
471 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
472 putexcel (N'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
473 sleep 100
474 local Line = 'Line' + 1
475 putexcel (S'Line') = ('Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
477 ranksum BakterienEinheit if Art == 2 % (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 20 522 410
Behandelt (1 20 298 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -305.64
adjusted variance 1061.03
Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.005
Prob > |z| = 0.9985

```

```

478 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
479 putexcel (C'Line') = (PValue*)
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
480 ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ngl)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 20 478 410
Behandelt (1) 20 342 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -118.08
adjusted variance 1248.59
Ho: Hefen_~t(Behand-g==Behandelt) = Hefen_~t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 1.924
z = 0.0543

481 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
482 putexcel (D'Line') = (PValue*)
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
483 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 20 521.5 410
Behandelt (1) 20 298.5 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -76.41
adjusted variance 1290.26
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 3.104
z = 0.0019

484 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
485 putexcel (E'Line') = (PValue*)
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
486 ranksum SchimmelEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behan
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 20 356 410
Behandelt (1) 20 464 410
combined 40 820 820

```

```

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -87.95
adjusted variance 1278.72
Ho: Schimm-t(Behand-g==Behandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = -1.510
z = 0.1310

487 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
488 putexcel (F'Line') = (PValue*)
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
489 ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 20 552 410
Behandelt (1) 20 268 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -229.10
adjusted variance 1137.56
Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 3.321
z = 0.0009

490 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
491 putexcel (G'Line') = (PValue*)
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
492 ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ngl)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 20 408 410
Behandelt (1) 20 412 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -173.33
adjusted variance 1193.33
Ho: Hefen_~t(Behand-g==Behandelt) = Hefen_~t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.958
z = 0.359

```

```

493 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
494 putexcel('H'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
495 ranksum Bak_Hefeseinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 20 459.5 410
Behandelt (1) 20 360.5 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -50.00
adjusted variance 1316.67
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.364
Prob > |z| = 0.1725

496 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
497 putexcel('I'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
498 ranksum SchimmelSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 20 427.5 410
Behandelt (1) 20 392.5 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -126.03
adjusted variance 1240.64
Ho: Schimm-t(Behand-g==Behandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.497
Prob > |z| = 0.6193

499 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
500 putexcel('J'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
501 ranksum BakterienSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandl
> ung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 40 2080.5 1620
Behandelt (1) 40 1199.5 1620
combined 80 3240 3240

```

```

unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -2083.04
adjusted variance 8716.96
Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 4.932
Prob > |z| = 0.0000

502 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
503 putexcel('K'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
504 ranksum Hefeseinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 40 1736.5 1620
Behandelt (1) 40 1503.5 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -1117.59
adjusted variance 9682.41
Ho: Hefen_-t(Behand-g==Behandelt) = Hefen_-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.184
Prob > |z| = 0.2384

505 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
506 putexcel('L'Line') = ('PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
507 ranksum Bak_Hefeseinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 40 1962.5 1620
Behandelt (1) 40 1277.5 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -473.80
adjusted variance 10326.20
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.370
Prob > |z| = 0.0008

508 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)

```

```

508 putexcel (N'Line') = {Pvalue'}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
510 ranksum SchlimmeEinheit If (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 40 1542 1620
Behandelt (2) 40 1698 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -833.67
adjusted variance 9966.33
Ho: Schimm-t (Behand-g==Behandelt) = Schimm-t (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = -0.781
z = 0.4346
511 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
512 putexcel (N'Line') = {Pvalue'}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
513
514 putexcel (B1:B'Line'), border("right", "thin", "black")
515 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
516 putexcel (F1:F'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
517 putexcel (J1:J'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
518 putexcel (N1:N'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
519 local Line = 'Line' + 1
520 sleep 100
521
522 end of do-file
523
524 * Alle Blätter, keine pro mm*
525 global Einheit = "mm2"
526 putexcel set D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx, modify sheet(Gesamt$Einh
> 411)
527 do "D:\user\Corina\Tabellenerstellung_E1.do"
528 putexcel (A2) = {"Zeitpunkt"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

529 putexcel (E2) = {"Keimzahl"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
530 putexcel (C1) = {"Drosera balanceolata"}, bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
531 putexcel (C2) = {"Bakterien"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
532 putexcel (C3) = {"Hefen"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
533 putexcel (E2) = {"Bakterien & Hefen"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
534 putexcel (F2) = {"Schimmel"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
535 putexcel (G1) = {"Drosera madagascariensis"}, bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
536 putexcel (G3) = {"Bakterien"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
537 putexcel (H2) = {"Hefen"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
538 putexcel (I2) = {"Bakterien & Hefen"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
539 putexcel (J2) = {"Schimmel"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
540 putexcel (K1) = {"Gesamt"}, bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
541 putexcel (K2) = {"Bakterien"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
542 putexcel (L2) = {"Hefen"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
543 putexcel (M2) = {"Bakterien & Hefen"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
544 putexcel (N2) = {"Schimmel"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
545 putexcel (O1) = {"Artenvergleich"}, bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
546 putexcel (O2) = {"P (Bakterien)"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
547 putexcel (P2) = {"P (Hefen)"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
548 putexcel (Q2) = {"P (Bakterien & Hefen)"}
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

549 putexcel (B2) = ("P (Schimmel)")
550 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
551 putexcel (A2:A9) = (getvar(FileName, "ExtName", "tbl", "black"))
552 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
553 sleep 100
554 local Line = 3
555 foreach T of numlist 1(1)3 {
> SchimmelsEinheit {
4. summarize 'Par' if Behandlung == 'T' & Art == 2, detail
5. local MeanDO_Par' = round(tr(sd), 0.1)
6. local SDDO_Par' = round(tr(sd), 0.1)
7. local Q1DO_Par' = round(tr(p25), 0.1)
8. local Q2DO_Par' = round(tr(p50), 0.1)
9. local Q3DO_Par' = round(tr(p75), 0.1)
10. local NDO_Par' = round(tr(N), 0)
11. summarize 'Par' if Behandlung == 'T' & Art == 1, detail
12. local SDDm_Par' = round(tr(sd), 0.1)
13. local Q1Dm_Par' = round(tr(p25), 0.1)
14. local Q2Dm_Par' = round(tr(p50), 0.1)
15. local Q3Dm_Par' = round(tr(p75), 0.1)
16. local NDm_Par' = round(tr(N), 0)
17.
556
557 summarize 'Par' if Behandlung == 'T', detail
558 local SPT_Par' = round(tr(sd), 0.1)
559 local Q1T_Par' = round(tr(p25), 0.1)
560 local Q2T_Par' = round(tr(p50), 0.1)
561 local Q3T_Par' = round(tr(p75), 0.1)
562 local NT_Par' = round(tr(N), 0)
563
564 ttest 'Par' if Behandlung == 'T', by(art)
565 local p = round(tr(p), 0.01)
566 local Pmw_Par' = round(normprob(-abs(tr(z)))*2, 0.001)
567
568 putexcel (A'Line') = " : label Behandlung 'T'"
569 putexcel (B'Line') = ("Mittelwert")
570 putexcel (C'Line') = (MeanDO_BakterienEinheit')
571 putexcel (E'Line') = (MeanDO_Bak_HefenEinheit')
572 putexcel (F'Line') = (MeanDO_SchimmelsEinheit')
573
574 putexcel (G'Line') = (MeanDm_BakterienEinheit')
575 putexcel (H'Line') = (MeanDm_Bak_HefenEinheit')
576 putexcel (I'Line') = (MeanDm_SchimmelsEinheit')
577
578 putexcel (J'Line') = (MeanT_BakterienEinheit')
579 putexcel (K'Line') = (MeanT_Bak_HefenEinheit')
580 putexcel (L'Line') = (MeanT_SchimmelsEinheit')
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999

```

```

576 putexcel (K'Line') = ('Q3' BakterienEinheit')
94 putexcel (L'Line') = ('Q4' BakterienEinheit')
95 putexcel (M'Line') = ('Q1' Bak_HefensEinheit')
96 putexcel (N'Line') = ('Q2' SchimmelEinheit')
577 sleep 100
97 local Line = 'Line' + 1
98 putexcel (B'Line') = ('3. Quartile')
99 putexcel (C'Line') = ('Q300 BakterienEinheit')
100 putexcel (D'Line') = ('Q300 HefensEinheit')
101 putexcel (E'Line') = ('Q300 Bak_HefensEinheit')
102 putexcel (F'Line') = ('Q300 SchimmelEinheit')
579 .
104 putexcel (G'Line') = ('Q30m BakterienEinheit')
105 putexcel (H'Line') = ('Q30m HefensEinheit')
106 putexcel (I'Line') = ('Q30m Bak_HefensEinheit')
107 putexcel (J'Line') = ('Q30m SchimmelEinheit')
580 .
108 putexcel (K'Line') = ('Q3T BakterienEinheit')
109 putexcel (L'Line') = ('Q3T HefensEinheit')
110 putexcel (M'Line') = ('Q3T Bak_HefensEinheit')
111 putexcel (N'Line') = ('Q3T SchimmelEinheit')
581 .
112 sleep 100
113 local Line = 'Line' + 1
582 putexcel (B'Line') = ('W')
114 putexcel (C'Line') = ('W')
115 putexcel (D'Line') = ('N0' BakterienEinheit')
116 putexcel (E'Line') = ('N0' HefensEinheit')
117 putexcel (F'Line') = ('N0' Bak_HefensEinheit')
118 putexcel (G'Line') = ('N0' SchimmelEinheit')
119 .
120 putexcel (H'Line') = ('N1m BakterienEinheit')
121 putexcel (I'Line') = ('N1m HefensEinheit')
122 putexcel (J'Line') = ('N1m Bak_HefensEinheit')
123 .
124 putexcel (K'Line') = ('N1T BakterienEinheit')
125 putexcel (L'Line') = ('N1T HefensEinheit')
126 putexcel (M'Line') = ('N1T Bak_HefensEinheit')
127 putexcel (N'Line') = ('N1T SchimmelEinheit')
583 .
> lach*)
127 sleep 100
128 local Line = 'Line' + 1
586 sleep 100

```

Bakterien / mm³	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	1.041667
50%	3.145586
75%	8.114802
90%	17.07498
95%	24.39024
99%	33.10811
	Largest
	Mean
	Std. Dev.
	Variance
	Skewness
	Kurtosis

```

Bakterien / mm³
Percentiles
1% 0
5% 0
10% 0
25% 0
50% 1.464346
75% 6.597222
90% 9.528077
95% 10.80688
99% 11.42857
Mean 3.272693
Std. Dev. 3.853866
Variance 14.85229
Skewness .938415
Kurtosis 2.358372

Bakterien / mm³
Percentiles
1% 0
5% 0
10% 0
25% 1.064312
50% 2.17437
75% 7.416311
90% 9.931303
95% 17.90941
99% 33.10811
Largest 4.847267
Std. Dev. 6.638226
Variance 44.06604
Skewness 2.607101
Kurtosis 10.76193
Two-sample t test with equal variances

Group Obs Mean Std. Err. Std. Dev. [95% Conf. Interval]
Droesera 20 3.272693 .8617507 3.853866 1.459028 5.076358
Droesera 20 6.421842 1.871893 8.38925 2.495552 10.34813
combined 40 4.847267 1.049596 6.638226 2.72426 6.970275
diff -3.145149 2.064362 -7.328232 1.029933

diff = mean(Droesera) - mean(Droesera)
degrees of freedom = 38
Ho: diff = 0
Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.0677 Pr(|T| > |t|) = 0.1354
Pr(T > t) = 0.9323
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art obs rank sum expected
Droesera mada 20 385 410
Droesera obla 20 465 410
combined 40 820 820
unadjusted variance 1366.67
adjusted for ties -15.51
adjusted variance 1351.15

Ho: Bakter-2(Art=Droesera madagascanensis) = Bakter-2(Art=Droesera oblaanceolata)
Z = -1.496
Prb > |z| = 0.1346

```

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
50%	6949807		
		Mean	12.47049
		Std. Dev.	26.39445
75%	8.660378	Largest	0
90%	15.2439		0
95%	57.7381	Variance	695.6572
99%	85.27136	Skewness	2.37292
		Kurtosis	7.297699
			7.297699

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
50%	0		0
		Mean	5.77381
		Std. Dev.	24.13264
75%	0	Largest	0
90%	3.571429		0
95%	57.7381	Variance	585.2839
99%	108.3333	Skewness	4.100782
		Kurtosis	17.89667

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
50%	0		0
		Mean	9.122149
		Std. Dev.	25.21982
75%	0	Largest	0
90%	3.204545		0
95%	24.46978	Variance	636.0391
99%	85.27136	Skewness	3.083216
		Kurtosis	11.22371

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	5.77381	5.409639	24.13264	-5.548695 17.09631
Drosera mada	20	12.47049	5.901979	26.39445	-1175039 24.82347
combined	40	9.122149	3.987603	25.21982	1.056461 17.18784
diff		-6.696679	8.006095		-22.90417 9.510813

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 38
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.2041 Pr(|T| > |t|) = 0.4081 Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = 0.7959

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	326	410
Drosera obla	20	494	410
combined	40	820	820

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	5208333		0
25%	2.17437		0
50%	7.765152		0
		Mean	17.91407
		Std. Dev.	32.14811
75%	13.79249	Largest	0
90%	67.4249		0
95%	81.85484	Variance	1033.501
99%	129.054	Skewness	2.606052
		Kurtosis	8.825612

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	5434783		0
50%	1.699309		0
		Mean	7.879835
		Std. Dev.	18.76987
75%	7.638889	Largest	0
90%	14.37831		0
95%	18.37185	Variance	352.3081
99%	51.78785	Skewness	3.153608
		Kurtosis	15.80891

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	1.11166		0
50%	3.297101		0
		Mean	12.85695
		Std. Dev.	26.47555
75%	10.09259	Largest	0
90%	29.10279		0
95%	83.42742	Variance	700.9546
99%	129.054	Skewness	3.153608
		Kurtosis	12.45047

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	7.879835	4.197071	18.76987	-9.047347 16.66441
Drosera	20	17.91407	7.188536	32.14811	2.868292 32.95985
combined	40	12.89695	4.186151	26.47555	4.429662 21.36424
diff		-10.03423	8.324088		-26.88547 6.817002

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 38
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.1177 Pr(|T| > |t|) = 0.2355 Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = 0.8823

Percentiles		Bakterien / mm ³	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	.8333333		0
		Obs	20
		Sum of Wgt.	20
50%	2.90404	Mean	4.151635
		Std. Dev.	4.221854
75%	5.789474	Largest	17.85405
90%	10.21169		1.42852
95%	12.69231		3.622839
99%	15.38461		

Percentiles		Bakterien / mm ³	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
		Obs	40
		Sum of Wgt.	40
50%	2.475845	Mean	7.83541
		Std. Dev.	18.31433
75%	6.815115	Largest	342.7803
90%	19.12088		4.565734
95%	31.97826		23.25907
99%	110.7143		

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	4.151635	.9440353	4.221854	2.175746 6.127523
Drosera	20	11.51919	5.72402	25.63608	-4.788701 23.51724
combined	40	7.83541	2.927372	18.51433	1.914242 13.75658

diff = -7.36751 5.809616 -19.1285 4.393402
 Ho: diff = 0 (Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 38
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1002 Pr(T > |t|) = 0.2125 Pr(T > t) = 0.8938
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	428	410
Drosera obla	20	392	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -37.31
 adjusted variance 1329.36

Ho: Bakter-2(Art=Drosera madagascariensis) = Bakter-2(Art=Drosera oblaeolita)
 Pr > |z| = 0.494
 Pr > |z| = 0.6215

Percentiles		Bakterien / mm ³	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
		Obs	20
		Sum of Wgt.	20
50%	.8333333	Mean	11.51919
		Std. Dev.	25.63608
75%	10.21169	Largest	657.2087
90%	31.97826		3.140882
95%	73.8354		12.50689
99%	110.7143		

Percentiles		Bakterien / mm ³	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
		Obs	20
		Sum of Wgt.	20
50%	2.90404	Mean	4.151635
		Std. Dev.	4.221854
75%	5.789474	Largest	17.85405
90%	10.21169		1.42852
95%	12.69231		3.622839
99%	15.38461		

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
50%	1.833631	Largest	19.12494
75%	6.625	Mean	53.75153
90%	48.67965	Std. Dev.	2889.227
95%	152.764	Variance	3.605872
99%	236.9565	Skewness	14.39358
		Kurtosis	

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
50%	1.568627	Largest	9.449147
75%	6.59292	Mean	16.84904
90%	43.7807	Std. Dev.	283.8903
95%	47.78966	Variance	1.596569
99%	48.31304	Skewness	3.806859
		Kurtosis	

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	0		0
50%	1.666667	Largest	14.28704
75%	6.59292	Mean	39.62175
90%	43.7807	Std. Dev.	1569.883
95%	47.78966	Variance	4.628143
99%	236.9565	Skewness	26.36855
		Kurtosis	

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	9.449147	3.767561	16.84904	1.563552 17.33474
Drosera	20	19.12494	12.01921	53.75153	-6.031553 44.28143
combined	40	14.28704	6.264749	39.62175	1.611392 26.95869
diff		-9.67579	12.59587		-35.17479 15.82321

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -0.7682
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 38
 Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.2236 Pr(T > |t|) = 0.4471 Pr(T > t) = 0.7764

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	389.5	410
Drosera obia	20	430.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1365.67
 adjustment for ties -72.31
 adjusted variance 1294.36
 Ho: Hefen_~2(Art=Drosera madagascanensis) = Hefen_~2(Art=Drosera oblaanceolata)
 z = -0.570
 Prob > |z| = 0.5688

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	.8333333		.7352941
50%	2.566964	Largest	36.45766
75%	20.77243	Mean	57.05266
90%	108.1211	Std. Dev.	3255.006
95%	189.6209	Variance	2.13988
99%	200	Skewness	7.621428
		Kurtosis	

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	.7352941		1.470588
10%	1.32623		1.666667
25%			
50%	4.257246	Largest	12.94951
75%	15.44872	Mean	16.60643
90%	44.33538	Std. Dev.	275.7736
95%	49.51754	Variance	1.356285
99%	51.66667	Skewness	3.361053
		Kurtosis	

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0		0
25%	1.37632		0
50%	3.869048	Largest	19.70359
75%	17.17352	Mean	42.03464
90%	47.36842	Std. Dev.	1766.911
95%	115.4265	Variance	3.44718
99%	200	Skewness	14.40239
		Kurtosis	

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	12.94951	3.719311	16.60643	5.177464 20.72155
Drosera	20	26.45766	12.75736	57.05266	-2.438024 53.15513
combined	40	19.70359	6.64626	42.03464	6.26026 33.14692
diff		-13.50815	13.2868		-40.40587 13.38956

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -1.0167
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 38
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1579 Pr(T > |t|) = 0.3157 Pr(T > t) = 0.8421

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	3.779762
95%	133.2441
99%	259.8214
Mean	13.36905
Std. Dev.	58.02803
Variance	3367.252
Skewness	4.125008
Kurtosis	18.02896
Sum of Wgt.	20

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	3.779762
95%	133.2441
99%	259.8214
Mean	13.36905
Std. Dev.	58.02803
Variance	3367.252
Skewness	4.125008
Kurtosis	18.02896
Sum of Wgt.	20

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	13.36905	12.97546	58.02803	-13.78891 40.527
Drosera	20	1125479	-0618642	-2766651	-0169354 -2420312
combined	40	6.740798	6.491444	41.0555	-6.389387 19.87098
diff		13.2565	12.97561		-13.01125 39.52425

Two-sample t test with equal variances

Ho: diff = 0 diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 38

Ha: diff > 0

Pr(T < t) = 0.8433 Pr(|T| > |t|) = 0.1567 Ha: diff > 0

Pr(T > t) = 0.1567

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	20	414.5	410
Drosera obla	20	405.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67

adjusted for ties -839.23

adjusted variance 527.44

Ho: Bakter-2(Art=Drosera madagascanensis) = Bakter-2(Art=Drosera oblancoolata)

Z = 0.186

Pr > |z| = 0.847

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	634.644
95%	7782567
99%	862059
Mean	1125479
Std. Dev.	2766651
Variance	7665186
Skewness	2.06593
Kurtosis	5.178372
Sum of Wgt.	20

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	634.644
95%	7782567
99%	862059
Mean	1125479
Std. Dev.	2766651
Variance	7665186
Skewness	2.06593
Kurtosis	5.178372
Sum of Wgt.	20

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	20	20
5%	0	0	20	20
10%	0	0	20	20
25%	0	0	20	20
50%	0	0	20	20
75%	893974	2.205882	7.777328	7.777328
90%	2.205882	26.87318	26.87318	26.87318
95%	68.53973	725.1678	725.1678	725.1678
99%	120.3704	3.665798	3.665798	3.665798
99%	120.3704	17.0786	17.0786	17.0786

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	20	20
5%	0	0	20	20
10%	0	0	20	20
25%	0	0	20	20
50%	0	0	20	20
75%	26.07323	36.71875	47.51766	21.51719
90%	55.41567	2257.928	2257.928	2257.928
95%	132.7381	58.33333	5.201415	5.201415
99%	207.1423	207.1423	12.96043	12.96043

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	40	40
5%	0	0	40	40
10%	0	0	40	40
25%	0	0	40	40
50%	0	0	40	40
75%	10.5312	14.64726	38.73303	14.64726
90%	44.60336	58.33333	38.73303	38.73303
95%	89.35185	120.3704	1500.248	1500.248
99%	207.1429	207.1429	3.746317	3.746317
99%	207.1429	17.5885	17.5885	17.5885

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	21.51719	10.62527	47.51766	-7217606 43.75614
Drosera obla	20	7.777328	6.009026	26.87318	-4.799707 20.35436
combined	40	14.64726	6.12423	38.73303	2.259834 27.03468
diff		13.73986	12.20675		-10.97142 38.45114

Ho: diff = mean(Drosera) - mean(Drosera obla) degrees of freedom = 38
 Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.8663 Pr(|T| > |t|) = 0.2674
 Pr(T > t) = 0.1337
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mda	20	436.5	410
Drosera obla	20	383.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
 adjustment for ties -227.05
 adjusted variance 1139.62
 Ho: Hefen_2(Art=Drosera madagascariensis) = Hefen_2(Art=Drosera oblaanceolata)
 Pr(> |z|) = 0.785
 Pr(> |z|) = 0.4325

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	20
5%	0	0	20
10%	0	0	20
25%	0	0	20
50%	0	0	20
75%	1.18957	6.542292	6.542292
90%	5.46327	25.3418	25.3418
95%	61.27137	642.2068	642.2068
99%	113.8889	4.09039	4.09039
99%	113.8889	17.84071	17.84071

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	20
5%	0	0	20
10%	0	0	20
25%	0	0	20
50%	0	0	20
75%	21.05615	34.03689	34.03689
90%	58.33333	103.7081	103.7081
95%	263.9643	10755.37	10755.37
99%	466.9643	1.68266	1.68266
99%	466.9643	16.83269	16.83269

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	40
5%	0	0	40
10%	0	0	40
25%	0	0	40
50%	0	0	40
75%	4.940711	20.28959	20.28959
90%	47.13542	5.66599	5.66599
95%	86.52778	25.3418	25.3418
99%	466.9643	75.80567	75.80567
99%	466.9643	-3.954236	-3.954236

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	34.03689	23.18983	103.7081	-14.49999 82.57378
Drosera obla	20	6.542292	5.66599	25.3418	-5.318036 18.40262
combined	40	20.28959	11.98593	75.80567	-3.954236 44.53942
diff		27.4946	23.87213		-20.83201 75.82121

Ho: diff = mean(Drosera) - mean(Drosera obla) degrees of freedom = 38
 Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.8717 Pr(|T| > |t|) = 0.2566
 Pr(T > t) = 0.1283


```

597 local PValue = round(tr(p), 0.001)
598 putexcel('E'Line') = ('PValue')
599 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
600 ttest: SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> > >

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.622663	.9648353	4.314875	1.603239 5.642066
Behandelt	20	8.134991	3.828129	17.11991	1.228247 16.14758
combined	40	5.878827	1.981662	12.53313	1.870538 9.887116
diff		-4.512328	3.947845		-12.50432 3.479666
diff		mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			t = -1.1430
diff		degrees of freedom =			38

```

Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.1301 Pr(T | > |t|) = 0.2602 Pr(T > t) = 0.8699

```

```

600 local PValue = round(tr(p), 0.001)
601 putexcel('F'Line') = ('PValue')
602 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
603 ttest: BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> > >

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.272693	.8617507	3.853866	1.450238 5.075358
Behandelt	20	4.131655	3.846355	4.21854	2.179746 6.147525
combined	40	3.712164	1.6347702	4.014639	2.42822 4.996108
diff		-0.878923	1.278208		-3.46654 1.708655
diff		mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			t = -0.6876
diff		degrees of freedom =			38

```

Ho: diff < 0
Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.2479 Pr(T | > |t|) = 0.4959 Pr(T > t) = 0.7521

```

```

603 local PValue = round(tr(p), 0.001)
604 putexcel('G'Line') = ('PValue')
605 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
606 ttest: HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> > >

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	5.77981	3.405629	24.48264	-5.548855 17.08531
Behandelt	20	9.449147	3.767581	16.84804	1.588552 17.30974
combined	40	7.611478	3.266908	20.66174	1.003534 14.21942
diff		-3.675337	6.592322		-17.0208 9.670121
diff		mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			t = -0.5575
diff		degrees of freedom =			38

```

607 local PValue = round(tr(p), 0.001)
608 putexcel('H'Line') = ('PValue')
609 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
610 ttest: Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> > >

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	7.879835	4.197071	18.76987	-9.047347 16.66441
Behandelt	20	12.94951	3.713311	16.60643	5.177464 20.72156
combined	40	10.41467	2.795437	17.67989	4.76037 16.06898
diff		-5.069678	5.603935		-16.41425 6.274895
diff		mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			t = -0.9047
diff		degrees of freedom =			38

```

Ho: diff < 0
Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.1887 Pr(T | > |t|) = 0.3713 Pr(T > t) = 0.8143

```

```

609 local PValue = round(tr(p), 0.001)
610 putexcel('I'Line') = ('PValue')
611 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
612 ttest: SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> > >

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.448389	.7915269	3.539816	1.791704 5.105074
Behandelt	20	16.96889	6.975285	31.19442	2.369448 31.56833
combined	40	10.20864	3.629903	22.95752	2.866467 17.55081
diff		-13.5205	7.020051		-27.73185 .6908519
diff		mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			t = -1.9260
diff		degrees of freedom =			38

```

Ho: diff < 0
Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.0308 Pr(T | > |t|) = 0.0616 Pr(T > t) = 0.9692

```

```

612 local PValue = round(tr(p), 0.001)
613 putexcel('J'Line') = ('PValue')
614 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
615 ttest: BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> > >

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	4.847267	1.049596	6.638226	2.72426 6.970275
Behandelt	40	7.83541	2.927372	18.51433	1.914242 13.75668
combined	80	6.341339	1.554169	13.90091	3.247843 9.434835
diff		-2.988143	3.109848		-9.179376 3.20309
diff		diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			
Ho: diff = 0				degrees of freedom =	t = -0.9609
Ha: diff != 0					
Pr(T < t) = 0.1698			Pr(T > t) = 0.3396		Ha: diff > 0
					Pr(T > t) = 0.8302
					local PValue = round(tr(p), 0.001)

615 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

616 ttest HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	9.122149	3.987603	25.21982	1.056461 17.18784
Behandelt	40	14.28704	6.264749	39.62175	1.615392 26.95869
combined	80	11.7046	3.700934	33.10216	4.338071 19.07112
diff		-5.164893	7.426173		-19.94927 9.619483
diff		diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			
Ho: diff = 0				degrees of freedom =	t = -0.6955
Ha: diff < 0					
Pr(T < t) = 0.2444			Pr(T > t) = 0.4888		Ha: diff > 0
					Pr(T > t) = 0.7556
					local PValue = round(tr(p), 0.001)

618 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

619 ttest Bak HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	12.89695	4.186151	26.47555	4.428652 21.36464
Behandelt	40	19.78359	8.86826	42.83268	6.28266 33.48924
combined	80	16.30027	3.921164	35.07196	8.495388 24.10515
diff		-6.806637	7.85472		-22.44418 8.83091
diff		diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			
Ho: diff = 0				degrees of freedom =	t = -0.8666
Ha: diff < 0					
Pr(T < t) = 0.1944			Pr(T > t) = 0.3888		Ha: diff > 0
					Pr(T > t) = 0.8056
					local PValue = round(tr(p), 0.001)

621 local PValue = round(tr(p), 0.001)

622 putexcel ('Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

623 ttest SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	3.438292	61.68889	3.896494	2.989356 4.781685
Behandelt	40	12.353194	3.990201	25.23625	4.489595 20.82288
combined	80	8.043732	2.069057	18.50621	3.925377 12.16209
diff		-9.014413	4.037483		-17.05443 -0.978002
diff		diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			
Ho: diff = 0				degrees of freedom =	t = -2.2332
Ha: diff < 0					
Pr(T < t) = 0.0142			Pr(T > t) = 0.0284		Ha: diff > 0
					Pr(T > t) = 0.9858
					local PValue = round(tr(p), 0.001)

624 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

625 local Line = 'Line' + 1

626

627 sleep 100

628 * Vergleich der Zeitpunkte mittels T-Test

629 putexcel ('Line') = ('FValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

630 ttest BakteriensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	6.421842	1.875893	8.38925	2.495552 10.34813
Behandelt	20	.1125479	-.0618642	.2766651	-.0169354 .2420312
combined	40	3.267195	1.055127	6.673209	1.132999 5.401391
diff		6.309294	1.876913		2.509682 10.10891
diff		diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)			
Ho: diff = 0				degrees of freedom =	t = 3.3615
Ha: diff > 0					
Pr(T < t) = 0.9991			Pr(T > t) = 0.0018		Ha: diff < 0
					Pr(T > t) = 0.0009
					local PValue = round(tr(p), 0.001)

633

636 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 635 ttest HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung >)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	12.47049	5.901979	26.39445	1175039 24.82347
Behandelt	20	7.77328	6.009026	26.87318	-4.799707 20.35436
combined	40	10.12391	4.17392	26.39639	1.681294 18.56652
diff		4.697161	8.422693		-12.35769 21.74401
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom = 0.5572
Ho: diff = 0					t =
Ha: diff < 0					Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.7097					Pr(T > t) = 0.2903
local PValue = round(tr(p), 0.001)					

637 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 638 ttest Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	17.91407	7.188536	32.14811	2.868292 32.95985
Behandelt	20	6.542292	5.666599	25.3418	-5.318036 18.40262
combined	40	12.22818	4.608494	29.14668	2.906621 21.54974
diff		11.37178	9.153436		-7.158384 29.90194
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom = 1.2424
Ho: diff = 0					t =
Ha: diff < 0					Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.8891					Pr(T > t) = 0.1109
local PValue = round(tr(p), 0.001)					

639 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 640 ttest Schimmelseinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.622663	.9648353	4.314875	1.603239 5.642086
Behandelt	20	12.99987	6.836485	30.57369	-1.309063 27.30879
combined	40	8.311264	3.489299	22.06827	1.25349 15.36904
diff		-9.377203	6.804234		-23.35409 4.599687
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom =
Ho: diff = 0					t = -1.3582
Ha: diff < 0					degrees of freedom =

641 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 642 ttest Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.272693	.8617507	3.853866	1.469028 5.076358
Behandelt	20	13.36905	12.97546	58.02803	-13.78891 40.327
combined	40	8.32087	6.468828	40.91246	-4.76357 21.40531
diff		-10.09636	13.00405		-36.42167 16.22896
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom = -0.7764
Ho: diff = 0					t =
Ha: diff < 0					Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.2212					Pr(T > t) = 0.7788
local PValue = round(tr(p), 0.001)					

643 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 644 ttest HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	5.77381	5.409639	24.19264	-5.548695 17.09631
Behandelt	20	21.57119	10.6527	47.51766	-7.217606 43.75614
combined	40	13.64455	6.018112	38.06188	1.472719 25.81828
diff		-15.74338	11.92311		-39.88046 8.393699
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom = -1.3204
Ho: diff = 0					t =
Ha: diff < 0					Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.0973					Pr(T > t) = 0.9027
local PValue = round(tr(p), 0.001)					

645 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 646 ttest HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.272693	.8617507	3.853866	1.469028 5.076358
Behandelt	20	13.36905	12.97546	58.02803	-13.78891 40.327
combined	40	8.32087	6.468828	40.91246	-4.76357 21.40531
diff		-10.09636	13.00405		-36.42167 16.22896
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom = -0.7764
Ho: diff = 0					t =
Ha: diff < 0					Ha: diff > 0
Pr(T < t) = 0.2212					Pr(T > t) = 0.7788
local PValue = round(tr(p), 0.001)					

647 putexcel('G:Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 648 ttest Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.622663	.9648353	4.314875	1.603239 5.642086
Behandelt	20	12.99987	6.836485	30.57369	-1.309063 27.30879
combined	40	8.311264	3.489299	22.06827	1.25349 15.36904
diff		-9.377203	6.804234		-23.35409 4.599687
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					degrees of freedom =
Ho: diff = 0					t = -1.3582
Ha: diff < 0					degrees of freedom =

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	7.879835	4.197071	18.76987	-9.047347 16.66441
Behandelt	20	34.03689	23.18983	103.7081	-14.49999 82.57378
combined	40	20.95936	11.81828	74.74534	-2.946355 44.86306
diff		-26.15706	23.56658		-73.86511 21.55099
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					t = -1.1098
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 38
Pr(T < t) = 0.1370					Pr(T > t) = 0.8630
local PValue = round(tr(p), 0.001)					Pr(T > t) = 0.8630

651 putexcel('L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

652 ttest SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.448389	7.915269	3.539816	1.791704 5.105074
Behandelt	20	6.350362	1.914899	8.563689	2.342433 10.35829
combined	40	4.899376	1.048714	6.632648	2.778152 7.020599
diff		-2.901973	2.072041		-7.096601 1.292654
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					t = -1.4095
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 38
Pr(T < t) = 0.0847					Pr(T > t) = 0.9153
local PValue = round(tr(p), 0.001)					Pr(T > t) = 0.9153

654 putexcel('L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

656 ttest BakteriensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	8.47267	1.049596	6.639226	2.72426 6.970275
Behandelt	40	6.740798	6.491444	41.0555	-6.389387 19.87098
combined	80	5.794033	3.268736	29.23646	-7.12223 12.30029
diff		-1.893531	6.575751		-14.98484 11.19778
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					t = -0.2880
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 78
Pr(T < t) = 0.3871					Pr(T > t) = 0.6129
local PValue = round(tr(p), 0.001)					Pr(T > t) = 0.6129

local PValue = round(tr(p), 0.001)

658 putexcel('K'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

659 ttest HefesEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	9.129149	3.987603	25.91892	1.956451 17.18194
Behandelt	40	14.16726	6.12423	38.73303	2.259934 27.03466
combined	80	11.8847	3.644089	32.59372	4.631326 19.13808
diff		-5.521109	7.308021		-20.07426 9.024043
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					t = -0.7560
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 78
Pr(T < t) = 0.2260					Pr(T > t) = 0.7740
local PValue = round(tr(p), 0.001)					Pr(T > t) = 0.7740

660 local PValue = round(tr(p), 0.001)

661 putexcel('L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

662 ttest Bak_HefesEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	12.86695	4.186151	26.47555	4.429662 21.36424
Behandelt	40	20.28959	11.98593	75.80567	-3.954238 44.53542
combined	80	16.59327	6.321349	56.63986	4.010943 29.1756
diff		-7.39264	12.69592		-32.66827 17.88299
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					t = -0.5823
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 78
Pr(T < t) = 0.2810					Pr(T > t) = 0.7190
local PValue = round(tr(p), 0.001)					Pr(T > t) = 0.7190

663 local PValue = round(tr(p), 0.001)

664 putexcel('M'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

665 ttest SchimmelEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	3.535526	6.160899	3.896494	2.289366 4.781685
Behandelt	40	9.675114	3.54421	22.41555	2.506273 16.84396
combined	80	6.60532	1.820325	16.28148	2.982054 10.22859
diff		-6.139588	3.597359		-13.30138 1.022203
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					t = -1.7067
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 78
Pr(T < t) = 0.0459					Pr(T > t) = 0.9541
local PValue = round(tr(p), 0.001)					Pr(T > t) = 0.9541

```

666 local PValue = round(r(p), 0.001)
667 putexcel (B'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
668 file B:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
669 local Line = 'Line' + 1
670 sleep 100
671 putexcel (B'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
672 file B:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
673 ttest BakterienSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	11.51919	5.732402	25.63608	-4.788701 23.51724
Behandelt	20	11.25479	.0618642	.2786651	-.0189354 .2420312
combined	40	8.15867	2.97312	18.80366	-.1978367 11.82957
diff		11.40664	5.732736		-.1986796 23.01196

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.9731 Pr(T > |t|) = 0.0539 degrees of freedom = 38
 t = 1.9897

```

674 local PValue = round(r(p), 0.001)
675 putexcel (C'Line') = ("PValue")
676 file B:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
677 ttest HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	19.12494	12.03921	53.75153	-6.031553 44.28143
Behandelt	20	7.77328	6.009028	26.87518	-4.799707 20.35456
combined	40	13.45113	6.694055	42.33692	-.088721 26.99114
diff		11.34761	13.43762		-15.85544 38.55066

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.7882 Pr(T > |t|) = 0.4037 degrees of freedom = 38
 t = 0.8445

```

677 putexcel (D'Line') = ("PValue")
678 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
679 ttest Bak_HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	26.45766	12.78736	57.05266	-.2438024 53.15913
Behandelt	20	6.542292	5.66599	25.3418	-5.318036 18.40262
combined	40	16.49998	7.071669	44.72516	2.196177 30.80378
diff		19.91537	13.95925		-8.34365 48.1744

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.9191 Pr(T > |t|) = 0.1618 degrees of freedom = 38
 t = 1.4261

```

679 local PValue = round(r(p), 0.001)
680 putexcel (E'Line') = ("PValue")
681 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
682 ttest SchmeiSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	8.134991	3.828129	17.11991	-.1226247 16.14736
Behandelt	20	12.99987	6.836485	30.57369	-1.309063 27.30879
combined	40	10.56743	3.886669	24.58146	2.705898 18.42896
diff		-4.864875	7.835312		-20.72663 10.99688

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.2692 Pr(T > |t|) = 0.5384 degrees of freedom = 38
 t = -0.6208

```

682 local PValue = round(r(p), 0.001)
683 putexcel (F'Line') = ("PValue")
684 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
685 ttest BakterienSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	4.151635	.9440353	4.221854	2.175746 6.127523
Behandelt	20	13.36905	12.97546	58.02803	-13.78891 40.527
combined	40	8.760342	6.462312	40.87694	-4.312739 21.83342
diff		-9.217413	13.00976		-35.55429 17.11947

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.7085 Pr(T > |t|) = 0.2915 degrees of freedom = 38
 t = -0.7085

Ha: diff < 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = **0.2415** Pr(|T| > |t|) = **0.4830** Pr(T > t) = **0.7585**

685 local PValue = round(r(p), 0.001)
 686 putexcel (G'Line') = (PValue*)
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 687 ttest: HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 >)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	9.449147	3.762551	16.84504	1.553552 17.34474
Behandelt	20	21.93719	10.86257	47.51766	-7.221602 43.75514
combined	40	15.48317	5.647266	35.71645	4.060493 26.90584
diff		-12.06804	11.27346		-34.88997 10.75389
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					t = -1.0705
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.8544
Pr(T < t) = 0.1456					Pr(T > t) = 0.2912
local PValue = round(r(p), 0.001)					

688 putexcel (H'Line') = (PValue*)
 689 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 690 ttest: Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	32.84851	3.713311	16.40643	5.371464 20.73166
Behandelt	20	34.03669	23.18983	103.7081	-14.49999 82.57378
combined	40	23.4932	11.71342	74.08216	-1.1994199 47.18583
diff		-21.08738	23.48525		-68.63079 26.45603
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.8979
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.8126
Pr(T < t) = 0.1874					Pr(T > t) = 0.3749
local PValue = round(r(p), 0.001)					

691 putexcel (I'Line') = (PValue*)
 692 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 693 ttest: SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > ung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	16.96889	6.975285	31.19442	2.369448 31.56833
Behandelt	20	6.350362	1.914899	8.563689	2.342433 10.35829
combined	40	11.65962	3.669842	23.21012	4.236668 19.08258
diff		10.61852	7.233356		-4.024639 25.26169
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					t = 1.4660
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 38
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.1503
Pr(T < t) = 0.8248					Pr(T > t) = 0.1503
local PValue = round(r(p), 0.001)					

694 putexcel (J'Line') = (PValue*)
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 695 ttest: BakterienEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	40	7.83541	2.827372	18.51433	1.814242 13.75656
Behandelt	40	6.740798	6.451444	41.0555	-6.389387 19.87098
combined	80	7.288104	3.538419	31.64858	.2450571 14.33115
diff		1.094612	7.12098		-13.08217 15.27139
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					t = 0.1537
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 78
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.4391
Pr(T < t) = 0.5609					Pr(T > t) = 0.8782
local PValue = round(r(p), 0.001)					

696 putexcel (K'Line') = (PValue*)
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 697 ttest: HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	40	14.28754	6.24749	39.65175	1.615392 26.95669
Behandelt	40	14.64726	6.12423	38.73305	2.259894 27.03468
combined	80	14.46715	4.352682	38.93157	5.803354 23.13095
diff		-3.8002162	8.760894		-17.80182 17.08138
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.0411
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 78
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.5163
Pr(T < t) = 0.4837					Pr(T > t) = 0.9673

```

700 local PValue = round(tr(p), 0.001)
701 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
702 test Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances

```

Group	Obs	Mean	Std. Dev.	Std. Err.	[95% Conf. Interval]
Behandel	40	19.70359	6.64626	42.03464	6.26026 33.14692
Behandelt	40	20.28959	11.98593	75.80567	-3.954336 44.53342
combined	80	19.99659	6.80922	60.90352	6.443177 33.55001
diff		-.5860033	13.7023		-27.87116 26.69915
diff = mean(Behandel) - mean(Behandelt)					t = -0.0428
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 78
Ha: diff < 0					Pr(T > t) = 0.5170
Pr(T < t) = 0.4830					Pr(T > t) = 0.9660

```

703 local PValue = round(tr(p), 0.001)
704 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
705 test SchmeisselEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances

```

Group	Obs	Mean	Std. Dev.	Std. Err.	[95% Conf. Interval]
Behandel	40	12.55194	3.990201	25.23625	4.480995 20.62288
Behandelt	40	9.675114	3.54421	22.41555	2.506273 16.84386
combined	80	11.11353	2.656471	23.7602	5.825954 16.4011
diff		2.876825	5.336959		-7.748244 13.50189
diff = mean(Behandel) - mean(Behandelt)					t = 0.5390
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 78
Ha: diff != 0					Pr(T > t) = 0.5914
Pr(T < t) = 0.7043					Pr(T > t) = 0.2957

```

706 local PValue = round(tr(p), 0.001)
707 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
708 putexcel ('A.Line', 'N.Line'), overwritefnt border("bottom", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
709 local Line = 'Line' + 1

```

```

710
711 * Vergleich der Zeitpunkte (Mann-Whitney-Test)

```

```

712 putexcel ('A.Line') = ("Vergleich Zeitpunkte (Mn-Test)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
713 putexcel ('B.Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
714 ranksum Bakterien$Einheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	413.5	410
Behandelt	20	366.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -21.28
adjusted variance 1345.38
Ho: Bakter-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 1.186
Z = 0.2356

```

715 local PValue = round(normprob(-abs(tr(z)))*2, 0.001)

```

```

716 putexcel ('C.Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
717 ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ng)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	395	410
Behandelt	20	425	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -71.79
adjusted variance 1294.87
Ho: Hefen_-2(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.6768

```

718 local PValue = round(normprob(-abs(tr(z)))*2, 0.001)

```

```

719 putexcel ('D.Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
720 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	439	410
Behandelt	20	381	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -2.82
adjusted variance 1363.85
Ho: Bak_He-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt)
z = 0.785
Prob > |z| = 0.4323

721 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
722 putexcel (F'Line') = (PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
723 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	459.5	410
Behandelt	20	360.5	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -36.92
adjusted variance 1329.74
Ho: Schimm-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt)
z = -0.1746
Prob > |z| = 0.8646

```

```

724 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
725 putexcel (F'Line') = (PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
726 ranksum BakteriensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	376	410
Behandelt	20	444	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -28.72
adjusted variance 1337.95
Ho: Baktes-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Baktes-2 (Behand-g==Behandelt)
z = -0.930
Prob > |z| = 0.3526

```

```

727 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
728 putexcel (G'Line') = (PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
729 ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	327	410
Behandelt	20	493	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -420.13
adjusted variance 946.54
Ho: Hefen_-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2 (Behand-g==Behandelt)
z = -2.698
Prob > |z| = 0.0070

```

```

730 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
731 putexcel (H'Line') = (PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
732 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	337	410
Behandelt	20	483	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -7.44
adjusted variance 1359.23
Ho: Bak_He-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt)
z = -1.960
Prob > |z| = 0.0477

```

```

733 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
734 putexcel (I'Line') = (PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
735 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	417	410
Behandelt	20	403	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1566.67
adjustment for ties     -28.59
-----
adjusted variance      1338.08
Ho: Schimm-2(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt)
z = 0.191
Prob > |z| = 0.8482

736 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
737 putexcel('J'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
738 ranksum BakterienSEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1649.5	1620
Behandelt	40	1590.5	1620
combined	80	3240	3240

```

unadjusted variance      10800.00
adjustment for ties     -195.82
-----
adjusted variance      10604.18
Ho: Bakter-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt)
z = 0.286
Prob > |z| = 0.7745

739 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
740 putexcel('K'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
741 ranksum HefenSEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1412.5	1620
Behandelt	40	1827.5	1620
combined	80	3240	3240

```

unadjusted variance      10800.00
adjustment for ties     -1562.66
-----
adjusted variance      9237.34
Ho: Hefen_-2(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt)
z = -2.159
Prob > |z| = 0.0309

742 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

```

```

743 putexcel('L'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
744 ranksum Bak_HefeSEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1551.5	1620
Behandelt	40	1688.5	1620
combined	80	3240	3240

```

unadjusted variance      10800.00
adjustment for ties     -36.96
-----
adjusted variance      10763.04
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt)
z = -0.660
Prob > |z| = 0.5091

745 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
746 putexcel('M'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
747 ranksum SchimmSEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1737	1620
Behandelt	40	1503	1620
combined	80	3240	3240

```

unadjusted variance      10800.00
adjustment for ties     -257.85
-----
adjusted variance      10542.15
Ho: Schimm-2(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt)
z = 1.140
Prob > |z| = 0.2545

748 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
749 putexcel('N'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
750 local Line = 'Line' + 1
751 sleep 100
752
753
754 putexcel('B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

755 ranksum BakterienSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung) > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	575.5	410
Behandelt (1)	20	244.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-170.64**
 adjusted variance **1196.03**

Ho: Bakter-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **4.786**
 z = **0.0000**

756 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

757 putexcel (C'Line') = ('PValue')

File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

758 ranksum HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung) > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	445.5	410
Behandelt (1)	20	374.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-170.51**
 adjusted variance **1196.15**

Ho: Hefen_-2(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.3047**
 z = **0.0000**

759 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

760 putexcel (D'Line') = ('PValue')

File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

761 ranksum Bak_HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung) > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	549	410
Behandelt (1)	20	271	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-46.52**
 adjusted variance **1319.74**

Ho: Bak_He-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **3.826**
 z = **0.0001**

762 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

763 putexcel (E'Line') = ('PValue')

File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

764 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung) > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	396	410
Behandelt (1)	20	424	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-4.62**
 adjusted variance **1362.05**

Ho: Schimm-2(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.7044**
 z = **-0.379**

765 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

766 putexcel (F'Line') = ('PValue')

File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

767 ranksum BakterienSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung) > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	518	410
Behandelt (1)	20	302	410
combined	40	820	820

unadjusted variance **1366.67**
 adjustment for ties **-259.62**
 adjusted variance **1107.05**

Ho: Bakter-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.2016**
 z = **0.0012**

768 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

769 putexcel (G'Line') = ('PValue')

File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

776 ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > n3)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	340	410
Behandelt (1)	20	480	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67

adjustment for ties -520.51

adjusted variance 846.15

Ho: Hefen_2(Behandlung=Unbehandelt) = Hefen_2(Behandlung=Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.0161

771 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))^2, 0.001)

putexcel (H'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

773 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	451.5	410
Behandelt (1)	20	368.5	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67

adjustment for ties -87.31

adjusted variance 1279.36

Ho: Bak_He-2(Behandlung=Unbehandelt) = Bak_He-2(Behandlung=Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.601

z = 0.5478

774 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))^2, 0.001)

putexcel (I'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

776 ranksum SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	423	410
Behandelt (1)	20	397	410
combined	40	820	820

unadjusted variance 1366.67

adjustment for ties -46.92

adjusted variance 1319.74

Ho: Schimm-2(Behandlung=Unbehandelt) = Schimm-2(Behandlung=Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.358

z = 0.7205

777 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))^2, 0.001)

putexcel (J'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

779 ranksum BaktersEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	2164	1620
Behandelt (1)	40	1076	1620
combined	80	3240	3240

unadjusted variance 10800.00

adjustment for ties -1676.71

adjusted variance 9123.29

Ho: Bakter-2(Behandlung=Unbehandelt) = Bakter-2(Behandlung=Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.0000

z = 5.695

780 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))^2, 0.001)

putexcel (K'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

782 ranksum HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1520	1620
Behandelt (1)	40	1720	1620
combined	80	3240	3240

unadjusted variance 10800.00

adjustment for ties -2481.01

adjusted variance 8318.99

Ho: Hefen_2(Behandlung=Unbehandelt) = Hefen_2(Behandlung=Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.2729

z = -1.096

783 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))^2, 0.001)

putexcel (L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

785 ranksum Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	40	1928	1620
Behandelt (1)	40	1312	1620
combined	80	3240	3240

```

unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -514.30
adjusted variance 10285.70
Ho: Bak_He-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.037
Prob > |z| = 0.0024

786 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
787 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
788 ranksum SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt  | 40  | 1623.5   | 1620     |
| Behandelt (1 | 40  | 1616.5   | 1620     |
| combined     | 80  | 3240     | 3240     |


unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -145.19
adjusted variance 10654.81
Ho: Schimm-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.034
Prob > |z| = 0.9730

789 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
790 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
791 local Line = 'Line' + 1
792 sleep 100

793
794 putexcel ('Line') = ('Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
795 ranksum BakterienSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Behandelt    | 20  | 523.5    | 410      |
| Behandelt (1 | 20  | 296.5    | 410      |
| combined     | 40  | 820      | 820      |


unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -295.13
adjusted variance 1071.54
Ho: Bakter-2 (Behand-g==Behandelt) = Bakter-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.666
Prob > |z| = 0.0005

```

```

796 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
797 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
798 ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Behandelt    | 20  | 479      | 410      |
| Behandelt (1 | 20  | 341      | 410      |
| combined     | 40  | 820      | 820      |


unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -104.62
adjusted variance 1262.05
Ho: Hefen_-2 (Behand-g==Behandelt) = Hefen_-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.942
Prob > |z| = 0.0521

799 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
800 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
801 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Behandelt    | 20  | 520.5    | 410      |
| Behandelt (1 | 20  | 299.5    | 410      |
| combined     | 40  | 820      | 820      |


unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -58.59
adjusted variance 1308.08
Ho: Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt) = Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.055
Prob > |z| = 0.0022

802 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
803 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
804 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Behandelt    | 20  | 362.5    | 410      |
| Behandelt (1 | 20  | 457.5    | 410      |
| combined     | 40  | 820      | 820      |


```

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -37.46
adjusted variance       1279.49
Ho: Schimm-2(Behand-g==Behandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -1.328
Prob > |z| = 0.1842

805 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
806 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
807 ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	526.5	410
Behandelt (1	20	283.5	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -227.44
adjusted variance       1139.23
Ho: Bakter-2(Behand-g==Behandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.452
Prob > |z| = 0.0006

808 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
809 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
810 ranksum HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	406	410
Behandelt (1	20	414	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -170.77
adjusted variance       1195.90
Ho: Hefen_-2(Behand-g==Behandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -0.676
Prob > |z| = 0.5079

811 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
812 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
813 ranksum Bak_HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	468.5	410
Behandelt (1	20	351.5	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -46.92
adjusted variance       1319.74
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.610
Prob > |z| = 0.1073

814 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
815 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
816 ranksum SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behan
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	427	410
Behandelt (1	20	393	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -46.92
adjusted variance       1319.74
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.610
Prob > |z| = 0.1073

814 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
815 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
816 ranksum SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behan
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	468.5	410
Behandelt (1	20	351.5	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -124.62
adjusted variance       1242.05
Ho: Schimm-2(Behand-g==Behandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.482
Prob > |z| = 0.6295

817 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
818 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
819 ung) ranksum BakterienEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandl
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	40	2088	1620
Behandelt (1	40	1152	1620
combined	80	3240	3240

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -170.77
adjusted variance       1195.90
Ho: Hefen_-2(Behand-g==Behandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -0.676
Prob > |z| = 0.5079

811 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
812 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
813 ranksum Bak_HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	526.5	410
Behandelt (1	20	283.5	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance      1366.67
adjustment for ties     -227.44
adjusted variance       1139.23
Ho: Bakter-2(Behand-g==Behandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.452
Prob > |z| = 0.0006

808 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
809 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
810 ranksum HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	20	406	410
Behandelt (1	20	414	410
combined	40	820	820

```

unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -2053.29
adjusted variance 8746.71
Ho: Bakter-Z (Behand-g==Behandel) = Bakter-Z (Behand-g==Behandel) (1 Woche)
z = 5.004
Prob > |z| = 0.0000

820 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
821 putexcel ('Line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
822 ranksum Hefeseinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Behandel (1) 40 1743 1620
Behandel (2) 40 1497 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -1068.73
adjusted variance 9731.27
Ho: Hefen_-Z (Behand-g==Behandel) = Hefen_-Z (Behand-g==Behandel) (1 Woche)
z = 1.247
Prob > |z| = 0.2124

823 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
824 putexcel ('Line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
825 ranksum Bak_Hefeseinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Behandel (1) 40 1976 1620
Behandel (2) 40 1264 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -415.32
adjusted variance 10384.68
Ho: Bak_He-Z (Behand-g==Behandel) = Bak_He-Z (Behand-g==Behandel) (1 Woche)
z = 3.493
Prob > |z| = 0.0005

826 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

```

```

827 putexcel ('Line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
828 ranksum SchimmelSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung | obs rank sum expected
Behandel (1) 40 1560 1620
Behandel (2) 40 1680 1620
combined 80 3240 3240
unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -829.24
adjusted variance 9970.76
Ho: Schimm-Z (Behand-g==Behandel) = Schimm-Z (Behand-g==Behandel) (1 Woche)
z = 0.605
Prob > |z| = 0.5479

829 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
830 putexcel ('Line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
831
832
833 putexcel (B:('Line'), border('right'), 'thin', 'black')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
834 putexcel (F:('Line'), border('right'), 'thin', 'black')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
835 putexcel (I:('Line'), border('right'), 'thin', 'black')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
836 putexcel (N:('Line'), border('right'), 'thin', 'black')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
837
838 local Line = 'Line' + 1
839 sleep 100
840
841
842 * Blätter ohne Beute, Keime pro Blatt
843 drop if Beute = 1
(31 observations deleted)
844 global Einheit = "_Blatt"
845 putexcel set D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx, modify sheet (Beute)os$E1
> rheit)

```

```

846 do "D:\user\Corina\Fabellenerstellung_F1.do"
847 putexcel (A2) = ("Zeitpunkt")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
848 putexcel (B2) = ("Kenzahl")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
849 putexcel (C1) = ("Drosera oblancoolata"), bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
850 putexcel (C2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
851 putexcel (D2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
852 putexcel (E2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
853 putexcel (G1) = ("Drosera madagascariensis"), bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
854 putexcel (G2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
855 putexcel (H2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
856 putexcel (I2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
857 putexcel (I3) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
858 putexcel (J2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
859 putexcel (K1) = ("Cosams"), bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
860 putexcel (K2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
861 putexcel (L2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
862 putexcel (M2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
863 putexcel (N2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
864 putexcel (O1) = ("Artenvergleich"), bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
865 putexcel (O2) = ("P (Bakterien)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
866 putexcel (O3) = ("P (Hefen)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

867 putexcel (O2) = ("P (Bakterien & Hefen)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
868 putexcel (R2) = ("P (Schimmel)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
869 putexcel (A2:O2), overwritemode border("bottom", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
870 sleep 100
871
872
873 local Line = 3
874 foreach T of numlist(1)13 {
> Schimmel$Einheit { summarize 'Par' if Behandlung == 'T' & Art == 2, detail
4. local MeanBo_Par' = round(r(mean), 0.1)
5. local SDDo_Par' = round(r(sd), 0.1)
6. local O1Bo_Par' = round(r(p25), 0.1)
7. local O2Bo_Par' = round(r(p50), 0.1)
8. local O3Bo_Par' = round(r(p75), 0.1)
9. local NDc_Par' = round(r(N), 0)
10.
11. summarize 'Par' if Behandlung == 'T' & Art == 1, detail
12. local MeanDm_Par' = round(r(mean), 0.1)
13. local SDDm_Par' = round(r(sd), 0.1)
14. local O1Dm_Par' = round(r(p25), 0.1)
15. local O2Dm_Par' = round(r(p50), 0.1)
16. local O3Dm_Par' = round(r(p75), 0.1)
17. local NDm_Par' = round(r(N), 0)
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000

```

```

881. putexcel (K'Line') = ('MeanT_BakterienEinheit')
882. putexcel (L'Line') = ('MeanT_HefensEinheit')
883. putexcel (M'Line') = ('MeanT_SchimmelEinheit')
884. putexcel (N'Line') = ('PT_BakterienEinheit')
885. putexcel (O'Line') = ('PT_HefensEinheit')
886. putexcel (P'Line') = ('PT_SchimmelEinheit')
887. sleep 100
888. local Line = 'Line' + 1
889. putexcel (B'Line') = ('Standardabweichung')
890. putexcel (C'Line') = ('SDDo_BakterienEinheit')
891. putexcel (D'Line') = ('SDDo_HefensEinheit')
892. putexcel (E'Line') = ('SDDo_SchimmelEinheit')
893. putexcel (F'Line') = ('SDDo_SchimmelEinheit')
894. putexcel (G'Line') = ('SDDm_BakterienEinheit')
895. putexcel (H'Line') = ('SDDm_Bak_HefensEinheit')
896. putexcel (I'Line') = ('SDDm_SchimmelEinheit')
897. putexcel (J'Line') = ('SDDm_SchimmelEinheit')
898. putexcel (K'Line') = ('SDT_BakterienEinheit')
899. putexcel (L'Line') = ('SDT_HefensEinheit')
900. putexcel (M'Line') = ('SDT_SchimmelEinheit')
901. putexcel (N'Line') = ('PMW_BakterienEinheit')
902. putexcel (O'Line') = ('PMW_HefensEinheit')
903. putexcel (P'Line') = ('PMW_SchimmelEinheit')
904. sleep 100
905. local Line = 'Line' + 1
906. putexcel (B'Line') = ('*1_Quartile')
907. putexcel (C'Line') = ('Q1Do_BakterienEinheit')
908. putexcel (D'Line') = ('Q1Do_HefensEinheit')
909. putexcel (E'Line') = ('Q1Do_SchimmelEinheit')
910. putexcel (F'Line') = ('Q1Dm_SchimmelEinheit')
911. putexcel (G'Line') = ('Q1Dm_BakterienEinheit')
912. putexcel (H'Line') = ('Q1Dm_Bak_HefensEinheit')
913. putexcel (I'Line') = ('Q1Dm_SchimmelEinheit')
914. putexcel (J'Line') = ('Q1Dm_SchimmelEinheit')
915. putexcel (K'Line') = ('Q1M_BakterienEinheit')
916. putexcel (L'Line') = ('Q1M_HefensEinheit')
917. putexcel (M'Line') = ('Q1M_SchimmelEinheit')
918. putexcel (N'Line') = ('Q1T_BakterienEinheit')
919. putexcel (O'Line') = ('Q1T_HefensEinheit')
920. putexcel (P'Line') = ('Q1T_SchimmelEinheit')
921. sleep 100
922. local Line = 'Line' + 1
923. putexcel (B'Line') = ('*Median')
924. putexcel (C'Line') = ('Q2Do_BakterienEinheit')
925. putexcel (D'Line') = ('Q2Do_HefensEinheit')
926. putexcel (E'Line') = ('Q2Do_Bak_HefensEinheit')
927. putexcel (F'Line') = ('Q2Do_SchimmelEinheit')

```

```

894. putexcel (G'Line') = ('Q2Dm_BakterienEinheit')
895. putexcel (H'Line') = ('Q2Dm_HefensEinheit')
896. putexcel (I'Line') = ('Q2Dm_Bak_HefensEinheit')
897. putexcel (J'Line') = ('Q2Dm_SchimmelEinheit')
898. putexcel (K'Line') = ('Q2T_BakterienEinheit')
899. putexcel (L'Line') = ('Q2T_HefensEinheit')
900. putexcel (M'Line') = ('Q2T_HefensEinheit')
901. putexcel (N'Line') = ('Q2T_SchimmelEinheit')
902. sleep 100
903. local Line = 'Line' + 1
904. putexcel (B'Line') = ('*3_Quartile')
905. putexcel (C'Line') = ('Q3Do_BakterienEinheit')
906. putexcel (D'Line') = ('Q3Do_HefensEinheit')
907. putexcel (E'Line') = ('Q3Do_Bak_HefensEinheit')
908. putexcel (F'Line') = ('Q3Do_SchimmelEinheit')
909. putexcel (G'Line') = ('Q3Dm_BakterienEinheit')
910. putexcel (H'Line') = ('Q3Dm_Bak_HefensEinheit')
911. putexcel (I'Line') = ('Q3Dm_SchimmelEinheit')
912. putexcel (J'Line') = ('Q3Dm_SchimmelEinheit')
913. putexcel (K'Line') = ('Q3T_BakterienEinheit')
914. putexcel (L'Line') = ('Q3T_HefensEinheit')
915. putexcel (M'Line') = ('Q3T_HefensEinheit')
916. putexcel (N'Line') = ('Q3T_SchimmelEinheit')
917. sleep 100
918. local Line = 'Line' + 1
919. putexcel (B'Line') = ('*W')
920. putexcel (C'Line') = ('NDo_BakterienEinheit')
921. putexcel (D'Line') = ('NDo_HefensEinheit')
922. putexcel (E'Line') = ('NDo_Bak_HefensEinheit')
923. putexcel (F'Line') = ('NDo_SchimmelEinheit')
924. putexcel (G'Line') = ('NDm_BakterienEinheit')
925. putexcel (H'Line') = ('NDm_HefensEinheit')
926. putexcel (I'Line') = ('NDm_Bak_HefensEinheit')
927. putexcel (J'Line') = ('NDm_SchimmelEinheit')
928. putexcel (K'Line') = ('NT_BakterienEinheit')
929. putexcel (L'Line') = ('NT_HefensEinheit')
930. putexcel (M'Line') = ('NT_Bak_HefensEinheit')
931. putexcel (N'Line') = ('NT_SchimmelEinheit')
932. sleep 100
933. local Line = 'Line' + 1
934. putexcel (A'Line':'R'Line'), overwritetextm border('bottom', 'thin', 'b

```

Percentiles		Bakterien / Blatt	
	Smallest		
1%	0	0	20
5%	0	0	20
25%	62.5	25	20
50%	100	Largest	Mean
			Std. Dev.
75%	237.5	300	324.7342
90%	472.5	450	Variance
95%	1112.5	1000	105452.3
99%	1225	1225	Skewness
			2.167686
			Kurtosis
			6.682242

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	125
90%	275
95%	275
99%	275
Smallest	
0	0
0	0
0	0
0	0
Sum of Wgt.	
0	0
Mean	
71.42857	
Std. Dev.	
97.43613	
Variance	
9505.495	
Skewness	
1.33885	
Kurtosis	
3.308572	

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	25
50%	75
75%	205
90%	300
95%	1000
99%	1225
Smallest	
0	0
0	0
0	0
0	0
Sum of Wgt.	
34	
Mean	
165.4412	
Std. Dev.	
266.1464	
Variance	
70833.89	
Skewness	
2.84707	
Kurtosis	
10.9577	

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	14	71.42857	26.05694	97.49613	127.7212
Drosera	20	231.25	72.63278	324.7342	79.28971
combined	34	165.4412	45.64373	266.1464	72.57832
diff		-159.8214	69.84338		-342.8264

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 32
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.0424 Pr(|T| > |t|) = 0.0848 Pr(T > t) = 0.9576

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	14	187	245
Drosera obla	20	408	350
combined	34	595	595

unadjusted variance 816.67
 adjustment for ties -13.10
 adjusted variance 803.57
 Ho: Bakter-t(Art=Drosera madagasariensis) = Bakter-t(Art=Drosera oblaeolata)
 z = -2.0468 Prob > |z| = 0.0408

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	375
90%	2162.5
95%	4087.5
99%	4625
Smallest	
0	0
0	0
0	0
Sum of Wgt.	
20	
Mean	
536.25	
Std. Dev.	
1249.433	
Variance	
1561084	
Skewness	
2.596887	
Kurtosis	
8.256001	

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	0
95%	0
99%	0
Smallest	
0	0
0	0
0	0
Sum of Wgt.	
14	
Mean	
0	
Std. Dev.	
0	
Variance	
0	
Skewness	
0	
Kurtosis	
0	

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	14	536.25	279.3818	1249.433	-48.50284
Drosera	20	315.4412	168.956	985.1745	-28.30245
combined	34	315.4412	168.956	985.1745	-28.30245
diff		-536.25	335.4868		-1219.614

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = -1.5984
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.0599 Pr(|T| > |t|) = 0.1198 Pr(T > t) = 0.9401

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	14	186	245
Drosera obla	20	427	350
combined	34	595	595

unadjusted variance 15.07035
 adjustment for ties 0
 adjusted variance 15.07035
 Ho: Bakter-t(Art=Drosera madagasariensis) = Bakter-t(Art=Drosera oblaeolata)
 z = -1.5984 Prob > |z| = 0.1108

unadjusted variance **816.67**
 adjustment for ties **-252.80**
 adjusted variance **563.87**
 Ho: Hefen_t(Att=Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Att=Drosera oblancoelata)
 z = **-3.243**
 Prob > |z| = **0.0012**

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	12.5
25%	75
50%	250
75%	Largest
90%	365.8
95%	3200
99%	4925
99%	5075
Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	Largest
90%	125
95%	275
99%	4775
99%	275

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	Largest
90%	125
95%	275
99%	4775
99%	275

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	25
50%	87.5
75%	Largest
90%	300
95%	675
99%	4775
99%	5075

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	95% Conf. Interval
Drosera	14	71.42857	26.05694	97.49613	127.7212
Drosera	20	745	329.7008	1474.467	54.92825
combined	34	467.6471	200.6383	1169.912	59.44543
diff		-673.5714	396.5025		-1481.221

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = **-1.6988**
 Ha: diff < 0
 Pr(T < T) = **0.0495** Pr(T > T) = **0.0991**

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
 Drosera mada **164** **245**
 Drosera obla **20** **350**
 combined **34** **595**
 unadjusted variance **816.67**
 adjustment for ties **-10.48**
 adjusted variance **806.19**
 Ho: Bak_He-t(Att=Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Att=Drosera oblancoelata)
 z = **-2.853**
 Prob > |z| = **0.0043**

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	12.5
25%	12.5
50%	43.75
75%	Largest
90%	169.75
95%	400
99%	468.75
99%	512.5
Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	25
75%	Largest
90%	125
95%	150
99%	312.5
99%	312.5

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	25
75%	Largest
90%	125
95%	150
99%	312.5
99%	312.5

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	37.5
75%	Largest
90%	137.5
95%	312.5
99%	425
99%	512.5

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	12.5
50%	37.5
75%	Largest
90%	137.5
95%	312.5
99%	425
99%	512.5

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff < 0
 Ha: diff > 0
 Pr(T < T) = **0.0495** Pr(T > T) = **0.9505**

Bakterien / Blatt

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	13
5%	0	25	13
10%	0	50	13
25%	0	50	13
50%	75	76.92308	58.14989
75%	100	100	58.14989
90%	150	150	58.14989
95%	200	200	58.14989
99%	200	200	58.14989

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	29
5%	0	0	29
10%	0	0	29
25%	0	0	29
50%	25	103.4483	206.8821
75%	100	150	206.8821
90%	200	200	206.8821
95%	800	800	206.8821
99%	850	850	206.8821

Bakterien / Blatt

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.	Mean	Std. Dev.	Largest
1%	0	0	0	0	0	0
5%	0	0	0	0	0	0
10%	0	0	0	0	0	0
25%	0	0	0	0	0	0
50%	25	103.4483	206.8821	103.4483	206.8821	103.4483
75%	100	150	206.8821	150	206.8821	150
90%	200	200	206.8821	200	206.8821	200
95%	800	800	206.8821	800	206.8821	800
99%	850	850	206.8821	850	206.8821	850

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	76.92308	16.12788	58.14989	41.78345 112.0627
Drosera obla	16	125	68.95902	275.8321	-21.98054 271.9805
combined	29	103.4483	38.41703	206.8821	24.75455 182.142
diff		-48.07692	78.12003		-208.366 112.2121

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera obla)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.2717
 degrees of freedom = 27
 Pr(T > t) = 0.7283

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	13	234	195
Drosera obla	16	201	240
combined	29	435	435

unadjusted variance = 520.00
 adjustment for ties = -21.13
 adjusted variance = 498.87
 Ho: Baktes-t(Art=Drosera mada) = Baktes-t(Art=Drosera obla) = Baktes-t(Art=Drosera obla) = 0
 Pr > |z| = 1.746
 Prob > |z| = 0.0808

Hefen / Blatt

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	16
5%	0	0	16
10%	0	0	16
25%	0	0	16
50%	25	457.8125	1353.598
75%	137.5	150	1353.598
90%	550	550	1353.598
95%	5450	5450	1353.598
99%	5450	5450	1353.598

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	13
5%	0	0	13
10%	0	0	13
25%	0	0	13
50%	0	125	265.2859
75%	125	125	265.2859
90%	700	700	265.2859
95%	750	750	265.2859
99%	750	750	265.2859

Hefen / Blatt

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.	Mean	Std. Dev.	Largest
1%	0	0	0	0	0	0
5%	0	0	0	0	0	0
10%	0	0	0	0	0	0
25%	0	0	0	0	0	0
50%	0	125	265.2859	125	265.2859	125
75%	125	125	265.2859	125	265.2859	125
90%	700	700	265.2859	700	265.2859	700
95%	750	750	265.2859	750	265.2859	750
99%	750	750	265.2859	750	265.2859	750

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	136.5385	73.57707	265.2859	-23.7722 296.8491
Drosera obla	16	457.8125	338.3994	1353.598	-263.4688 1179.094
combined	29	313.7931	189.2044	1018.897	-73.7746 701.3608
diff		-321.274	382.4659		-1106.029 463.4813

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera obla)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.2041
 degrees of freedom = 27
 Pr(T > t) = 0.7959

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	13	179.5	195
Drosera obla	16	255.5	240
combined	29	435	435

unadjusted variance = 520.00
 adjustment for ties = -21.13
 adjusted variance = 498.87
 Ho: Baktes-t(Art=Drosera mada) = Baktes-t(Art=Drosera obla) = Baktes-t(Art=Drosera obla) = 0
 Pr > |z| = 1.746
 Prob > |z| = 0.0808

unadjusted variance **520.00**
 adjustment for ties **-48.84**
 adjusted variance **471.16**
 Ho: Hefen_t(Att=Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Att=Drosera oblancoelata)
 H0: Hefen_t(Att=Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Att=Drosera oblancoelata)
 z = **-0.714**
 Prob > |z| = **0.4753**

Percentiles		Bak_Hefen / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	Obs	16
10%	0	Sum of Wgt.	16
25%	25	Mean	446.875
50%	50	Std. Dev.	1144.875
75%	225	Largest	1310740
90%	925	Variance	3125000
95%	4600	Skewness	12.3317
99%	4600	Kurtosis	12.3317

Percentiles		Bak_Hefen / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	25	Obs	13
10%	50	Sum of Wgt.	13
25%	50	Mean	207.6923
50%	100	Std. Dev.	277.5234
75%	175	Largest	77019.23
90%	775	Variance	1.691421
95%	850	Skewness	4.247368
99%	850	Kurtosis	4.247368

Percentiles		Bak_Hefen / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	Obs	29
10%	0	Sum of Wgt.	29
25%	25	Mean	339.6552
50%	50	Std. Dev.	865.9356
75%	200	Largest	74984.5
90%	925	Variance	4.329498
95%	925	Skewness	21.7026
99%	4600	Kurtosis	21.7026

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	207.6923	76.99114	277.5234	98.9856 376.398
Drosera	16	446.875	286.2168	1144.875	-163.186 1056.936
combined	29	339.6552	160.8002	865.9356	10.27087 669.0395
diff		-239.1827	326.0351		-908.1514 429.786

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = **0.2348**
 Pr(T > t) = **0.4695**
 Degrees of Freedom = **27**
 t = **-0.7336**
 Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.7652**

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
 Drosera mada **13** **216.5** **195**
 Drosera obla **16** **216.5** **240**
 combined **29** **435** **435**

unadjusted variance **520.00**
 adjustment for ties **-8.84**
 adjusted variance **511.16**
 Ho: Bak_He-t(Att=Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Att=Drosera oblancoelata)
 H0: Bak_He-t(Att=Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Att=Drosera oblancoelata)
 z = **0.951**
 Prob > |z| = **0.3416**

Percentiles		Schimmel / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	Obs	16
10%	0	Sum of Wgt.	16
25%	0	Mean	236.7188
50%	43.75	Largest	442.7299
75%	293.75	Variance	196609.8
90%	1700	Std. Dev.	442.7299
95%	1700	Skewness	2.609152
99%	1700	Kurtosis	6.663343

Percentiles		Schimmel / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	Obs	13
10%	0	Sum of Wgt.	13
25%	0	Mean	190.3846
50%	12.5	Largest	426.4727
75%	25	Variance	181879
90%	1362.5	Std. Dev.	426.4727
95%	1362.5	Skewness	2.082449
99%	1362.5	Kurtosis	5.782337

Percentiles		Schimmel / Blatt	
1%	0	Smallest	0
5%	0	Obs	29
10%	0	Sum of Wgt.	29
25%	0	Mean	215.9483
50%	12.5	Largest	428.3729
75%	200	Variance	183503.3
90%	675	Std. Dev.	428.3729
95%	1362.5	Skewness	2.332826
99%	1700	Kurtosis	7.565455

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	12.5
95%	25
99%	25

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	10
Sum of Wgt.	10
Mean	2.5
Std. Dev.	7.905894
Variance	62.5
Skewness	2.666667
Kurtosis	8.111111

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	0
90%	25
95%	25
99%	25

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	26
Sum of Wgt.	26
Mean	2.884615
Std. Dev.	8.145315
Variance	66.34615
Skewness	2.407717
Kurtosis	6.797101

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	10	2.5	2.5	7.905694	-3.155393 8.155393
Drosera	16	3.125	2.134781	8.539126	-1.425179 7.675179
combined	26	2.884615	1.597428	8.145315	-.4053485 6.174579
diff					

Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.4268
 Pr(T > |t|) = 0.8535
 degrees of freedom = 24

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	10	133	135
Drosera obla	16	218	216
combined	26	351	351

unadjusted variance 360.00
 adjustment for ties -249.60
 adjusted variance 110.40

Ho: Bakter-t(Art=Drosera madagascaariensis) = Bakter-t(Art=Drosera oblaeaeolata)
 z = -0.3970
 Prob > |z| = 0.6890

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	12.5
75%	50
90%	350
95%	350
99%	350

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	16
Sum of Wgt.	16
Mean	246.875
Std. Dev.	806.1676
Variance	64906.3
Skewness	3.53719
Kurtosis	13.70079

Bakterien / Blatt	
1%	0
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	175
90%	537.5
95%	750
99%	750

Bakterien / Blatt	
Smallest	0
Obs	10
Sum of Wgt.	10
Mean	127.5
Std. Dev.	244.225
Variance	59645.83
Skewness	1.89363
Kurtosis	5.322722

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	10	127.5	77.23071	244.225	-47.20802 302.208
Drosera	16	246.875	201.5419	806.1676	-182.7014 676.4514
combined	26	200.9615	126.3274	644.146	-59.21465 461.1377
diff					

Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.3275
 Pr(T > |t|) = 0.6551
 degrees of freedom = 24

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	10	131.5	135
Drosera obla	16	219.5	216
combined	26	351	351

unadjusted variance 360.00
 adjustment for ties -249.60
 adjusted variance 110.40

Ho: Bakter-t(Art=Drosera madagascaariensis) = Bakter-t(Art=Drosera oblaeaeolata)
 z = -0.3970
 Prob > |z| = 0.6890

unadjusted variance **360.00**
 adjustment for ties **-58.58**
 adjusted variance **301.42**
 Ho: Hefen_t(Att=Drosera madagascariensis) = Hefen_t(Att=Drosera oblancoelata)
 z = **-0.202**
 Prob > |z| = **0.8402**

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	12.5
75%	218.75
90%	763.6808
95%	583208.3
99%	3.58334
99%	13.82008

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	175
90%	437.5
95%	700
99%	700

Bak_Hefen / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	0
75%	50
90%	225
95%	700
99%	3075

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	10	107.5	69.62698	220.1799	-50.00718 265.0072
Drosera	16	218.75	190.9202	763.6808	-188.1868 625.6868
combined	26	175.9615	119.3611	608.6247	-69.8673 421.7904
diff		-111.25	249.3718	-625.9281	403.4281

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 degrees of freedom = **-0.4451**
 Ha: diff < 0
 Pr(T < T) = **0.3296** Pr(T > T) = **0.6704**

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
 Drosera mada **132**
 Drosera obla **216**
 combined **351**
 unadjusted variance **360.00**
 adjustment for ties **-58.71**
 adjusted variance **301.29**
 Ho: Bak_He-t(Att=Drosera madagascariensis) = Bak_He-t(Att=Drosera oblancoelata)
 z = **-0.8628**
 Prob > |z| = **0.3828**

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	37.5
75%	218.75
90%	600
95%	3950
99%	3950

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	6.25
75%	187.5
90%	377.5
95%	487.5
99%	487.5

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	6.25
75%	187.5
90%	377.5
95%	487.5
99%	487.5

Schimmel / Blatt	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	25
75%	187.5
90%	487.5
95%	600
99%	3950

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera)
 degrees of freedom = **-0.4451**
 Ha: diff > 0
 Pr(T > T) = **0.6702**

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	231.25	72.61278	324.7342	79.26971 383.2303
Behandelt	16	457.8125	68.95802	275.8321	-21.98054 271.9805
combined	36	184.0278	50.74986	304.4992	81.00008 287.0555
diff		106.25	102.0085		-101.0562 313.5562

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 1.0416
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.8475 Pr(|T| > |t|) = 0.3050 Pr(T > t) = 0.1525
 local PValue = round(r(p), 0.001)

910 putexcel (C'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 912 ttest: HeftensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	536.25	279.3818	1249.433	-48.50284 1121.003
Behandelt	16	457.8125	338.3994	1353.598	-263.4688 1179.084
combined	36	501.3889	213.0629	1278.377	68.86831 933.9295
diff		78.4375	434.8326		-805.2487 962.1237

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 0.1804
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.5710 Pr(|T| > |t|) = 0.8579 Pr(T > t) = 0.4290
 local PValue = round(r(p), 0.001)

913 putexcel (D'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 915 ttest: Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	745	329.7008	1474.467	54.92825 1435.072
Behandelt	16	446.875	286.2188	1144.875	-163.186 1056.936
combined	36	612.5	221.3919	1328.352	163.0905 1061.95
diff		298.125	449.1466		-614.6507 1210.901

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 0.6638
 Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.7443 Pr(|T| > |t|) = 0.5113 Pr(T > t) = 0.2397

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	121.25	34.23386	153.0985	49.59771 192.9023
Behandelt	16	236.7188	110.6825	442.7299	804.6382 472.6329
combined	36	172.5694	52.73478	316.4087	65.51215 279.6267
diff		-115.4668	105.8395		-330.5604 99.6229

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = -1.0910
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.1415 Pr(|T| > |t|) = 0.2830 Pr(T > t) = 0.8585
 local PValue = round(r(p), 0.001)

919 putexcel (F'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 921 ttest: BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	71.42857	26.05694	97.49613	15.13598 127.7212
Behandelt	13	76.92308	16.12788	58.14989	41.78345 112.0627
combined	27	74.07407	15.30096	79.50613	42.6225 105.5257
diff		-5.494505	31.21005		-69.7728 58.78379

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = -0.1760
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.4308 Pr(|T| > |t|) = 0.8617 Pr(T > t) = 0.5692
 local PValue = round(r(p), 0.001)

922 putexcel (G'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 924 ttest: HeftensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	136.5385	73.57707	265.2859	-23.7722 296.8491
Behandelt	27	65.74074	37.17567	193.1704	-10.67494 142.1566
diff		-136.5385	70.79147		-282.3362 9.259308

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = -1.9987
 Ho: diff = 0
 Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.0000 Pr(|T| > |t|) = 0.0000 Pr(T > t) = 1.0000

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.0326** Pr(|T| > |t|) = **0.0652** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.9674**
 925 local PValue = round(r(p), 0.001)
 file D:\user\Corina\Auswertung_Arttenvergleich.xlsx saved
 926 putexcel('tLine') = ('PValue')
 927 ttest Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandel	14	71.42857	26.05694	97.49613	15.13598 127.7212
Behandel	13	207.6923	76.97114	277.5234	39.9866 375.398
combined	27	137.037	40.87649	212.4005	53.01421 221.0599
diff		-136.2637	79.85237		-298.6636 26.13617
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					
Ha: diff < 0					t = -1.7281
Pr(T < t) = 0.0482					degrees of freedom = 25
Pr(T > t) = 0.0963					Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.9518					

928 local PValue = round(r(p), 0.001)
 929 putexcel('tLine') = ('PValue')
 930 ttest SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandel	14	66.96429	23.89764	89.4168	15.33656 118.592
Behandel	13	190.3846	118.2823	426.4727	-67.30259 488.0995
combined	27	126.3889	58.33842	303.1353	6.472548 246.3052
diff		-123.4203	116.4825		-363.3205 116.4798
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					
Ha: diff < 0					t = -1.0596
Pr(T < t) = 0.1497					degrees of freedom = 25
Pr(T > t) = 0.2995					Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.8503					

931 local PValue = round(r(p), 0.001)
 932 putexcel('tLine') = ('PValue')
 933 ttest BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandel	34	165.4412	45.64373	266.1664	72.57832 258.304
Behandel	29	105.4493	56.41703	247.75455	136.7442
combined	63	136.9048	50.34227	240.8343	76.25143 197.5581
diff		61.9929	60.85809		-59.70038 183.6862
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					t = 1.0186
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 61
Pr(T < t) = 0.8438					Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.3124					Pr(T > t) = 0.1562

934 local PValue = round(r(p), 0.001)
 935 putexcel('tLine') = ('PValue')
 936 ttest HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandel	34	315.4412	166.956	985.1745	-28.30245 659.1648
Behandel	29	313.7931	189.2044	1018.897	-73.7745 701.3608
combined	63	314.6825	125.0674	992.6914	64.67645 564.6886
diff		1.648073	252.9746		-504.2058 507.502
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					t = 0.0065
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 61
Pr(T < t) = 0.5026					Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.9948					Pr(T > t) = 0.4974

937 local PValue = round(r(p), 0.001)
 938 putexcel('tLine') = ('PValue')
 939 ttest Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandel	34	467.6471	200.6383	1169.912	59.44543 875.8487
Behandel	29	339.6552	160.8002	865.9356	10.27087 669.0395
combined	63	408.7302	130.4007	1035.023	148.0629 669.3974
diff		127.9919	263.2528		-398.4147 654.3984
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					t = 0.4862
Ha: diff < 0					degrees of freedom = 61
Pr(T < t) = 0.6857					Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.6286					Pr(T > t) = 0.3143

```

940 local PValue = round(r(p), 0.001)
941 putexcel (M'Line') = ('PValue')
942 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
943 ttest SchimmelEinheit if Art == 1 | Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group   Obs    Mean   Std. Err.   Std. Dev.   [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehandelt   34    98.89705   92.60846   131.8947   52.89777   144.8953
Behandelt    29   215.9483   79.56684   428.3729   53.00395   378.8926
combined      63   152.7778   38.9509   309.1632   74.91604   230.6395
diff         -117.0512   77.34772          -271.7175   37.6151
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)          t = -1.5133
Ho: diff = 0                                       degrees of freedom = 61
Ha: diff < 0                                       Pr(T < t) = 0.0677
Pr(T > t) = 0.9323
local PValue = round(r(p), 0.001)
944 putexcel (N'Line') = ('PValue')
945 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
946 local Line = 'Line' + 1
947 sleep 100
948
949 * Vergleich der Zeitpunkte mittels T-Test
950 putexcel (M'Line') = ('Behandlung', 'Behandelt (1 Woche)')
951 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
952 ttest Bakterienseinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group   Obs    Mean   Std. Err.   Std. Dev.   [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehandelt   20   231.25   72.61278   324.7342   79.26971   383.2303
Behandelt    16    3.125   2.134781   8.539126   -1.425179   7.675179
combined      36   129.8611   44.25104   265.5062   40.02673   219.6955
diff         228.125   81.4442          62.61048   393.6395
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)          t = 2.8010
Ho: diff = 0                                       degrees of freedom = 34
Ha: diff < 0                                       Pr(T < t) = 0.9958
Pr(T > t) = 0.0042
local PValue = round(r(p), 0.001)
952

```

```

953 putexcel (C'Line') = ('PValue')
954 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
955 ttest Hefenseinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group   Obs    Mean   Std. Err.   Std. Dev.   [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehandelt   20   536.25   279.3818   1249.433   -48.50284   1121.003
Behandelt    16   246.875   201.5419   806.1676   -182.7014   676.4514
combined      36   407.6389   178.5158   1071.095   45.23263   770.0451
diff         289.375   361.1067          -444.4821   1023.232
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)          t = 0.8014
Ho: diff = 0                                       degrees of freedom = 34
Ha: diff < 0                                       Pr(T < t) = 0.7858
Pr(T > t) = 0.2142
local PValue = round(r(p), 0.001)
955 putexcel (D'Line') = ('PValue')
956 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
957 ttest Bsk_Hefenseinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group   Obs    Mean   Std. Err.   Std. Dev.   [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehandelt   20    745   329.7008   1474.467   54.92823   1435.072
Behandelt    16   218.75   190.3202   763.6806   -186.1868   623.6866
combined      36   511.1111   204.1568   1224.941   96.65075   925.5715
diff         526.25   406.9688          -300.81   1353.31
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)          t = 1.2931
Ho: diff = 0                                       degrees of freedom = 34
Ha: diff < 0                                       Pr(T < t) = 0.8977
Pr(T > t) = 0.1023
local PValue = round(r(p), 0.001)
958 putexcel (E'Line') = ('PValue')
959 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
960 ttest SchimmelEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group   Obs    Mean   Std. Err.   Std. Dev.   [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehandelt   20   121.25   34.23386   153.0995   49.59771   192.9023
Behandelt    16   350.7813   243.851   974.3241   -168.306   870.0685
combined      36   223.2639   109.6861   658.1166   -5892737   445.9385
diff         -229.5313   220.4751          -677.5906   218.5281
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)          t = -1.0411
Ho: diff = 0                                       degrees of freedom = 34

```

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.1526** Pr(|T| > |t|) = **0.3052** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.8474**
 local PValue = round(tr(p), 0.001)
 961 putexcel (H'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 962
 963 ttest BakteriensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	71.42857	26.05694	97.49613	15.13598 127.7212
Behandelt	10	2.5	7.905694	-3.155393	8.155393
combined	24	42.70833	16.5858	81.25348	8.397996 77.01867
diff		68.92857	31.10108	4.428873	133.4283
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = 2.2163
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 22

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9813** Pr(|T| > |t|) = **0.0373** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.0187**
 local PValue = round(tr(p), 0.001)
 964 putexcel (G'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 965
 966 ttest HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	127.5	77.23071	244.225	-47.20802 302.208
Behandelt	10	53.125	33.82716	165.7185	-16.8518 123.1018
combined	24	90.3125	55.52893	155.0000	15.67617 165.0000
diff		74.375	43.40355	88.48653	165.0000
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -1.9714
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 22

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.0307** Pr(|T| > |t|) = **0.0614** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.9693**
 local PValue = round(tr(p), 0.001)
 967 putexcel (I'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 968
 969 ttest Bak_HerfensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	71.42857	26.05694	97.49613	15.13598 127.7212
Behandelt	10	107.5	69.62698	220.1799	-39.00718 285.0072
combined	24	86.45833	32.06295	157.0757	20.13108 152.7856
diff		-36.07143	66.05098	-173.0528	100.9099
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.5461
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 22

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.2952** Pr(|T| > |t|) = **0.5905** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.7048**
 local PValue = round(tr(p), 0.001)
 970 putexcel (J'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 971
 972 ttest Schimmelseinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	66.04029	25.09764	89.4168	15.39585 118.252
Behandelt	10	91.25	50.14043	198.1558	-22.17585 204.6755
combined	24	77.08333	24.58518	120.4423	26.22502 127.9416
diff		-24.28571	50.72503	-129.483	80.91156
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = -0.4788
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 22

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.3184** Pr(|T| > |t|) = **0.6368** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.6816**
 local PValue = round(tr(p), 0.001)
 973 putexcel (K'Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 974
 975 ttest BakteriensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	34	165.4412	45.64373	266.1464	72.57832 258.304
Behandelt	26	2.884615	1.597428	8.145315	-4.053485 6.174579
combined	60	95	27.76261	215.0483	39.44714 150.5529
diff		162.5566	52.31992	57.82687	267.2863
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					t = 3.1070
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 58

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9985** Pr(|T| > |t|) = **0.0029** Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = **0.0015**

```

976 local PValue = round( $\tau(p)$ , 0.001)
977 putexcel ('K' Line') = ('PValue')
978 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleichch.xlsx saved
979 ttest HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 34 | 315.4412 | 169.956 | 985.1745 | -58.30245 | 659.1846 |
| Behandelt | 26 | 200.9615 | 128.3274 | 844.146 | -59.21465 | 461.1377 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 60 | 265.8333 | 109.6926 | 849.6755 | 46.33888 | 485.3278 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 114.4796 | 222.7553 | | -331.4135 | 560.3728 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | degrees of freedom = 58 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.6954 | | | | | | Pr(|T| > |t|) = 0.6093 | | | | | | Pr(T > t) = 0.3046 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
979 local PValue = round( $\tau(p)$ , 0.001)
980 putexcel ('L' Line') = ('PValue')
981 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleichch.xlsx saved
982 ttest Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 34 | 467.6471 | 200.6383 | 1169.512 | 59.44543 | 875.8487 |
| Behandelt | 26 | 175.9615 | 119.5611 | 608.6247 | -69.8673 | 421.7904 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 60 | 341.25 | 125.4157 | 971.4661 | 90.29371 | 592.2063 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 291.6855 | 252.3741 | | -213.4961 | 796.8671 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | degrees of freedom = 58 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.8737 | | | | | | Pr(|T| > |t|) = 0.2525 | | | | | | Pr(T > t) = 0.1263 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
982 local PValue = round( $\tau(p)$ , 0.001)
983 putexcel ('M' Line') = ('PValue')
984 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleichch.xlsx saved
985 ttest SchimmelEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 34 | 98.89706 | 22.60946 | 131.8347 | 52.89777 | 144.8963 |
| Behandelt | 26 | 250.9615 | 151.3337 | 771.6534 | -60.71603 | 562.6391 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 60 | 164.7917 | 66.80875 | 517.4983 | 31.10768 | 298.4757 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | -152.0645 | 134.5046 | | -421.3047 | 117.1757 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | degrees of freedom = 58 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.1314 | | | | | | Pr(|T| > |t|) = 0.2629 | | | | | | Pr(T > t) = 0.8686 |

```

```

985 local PValue = round( $\tau(p)$ , 0.001)
986 putexcel ('N' Line') = ('PValue')
987 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleichch.xlsx saved
988 local Line = 'Line' + 1
989 sleep 100

990 putexcel ('B' Line') = ('Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)')
991 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleichch.xlsx saved
992 ttest BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandelt | 16 | 125 | 68.96802 | 275.8321 | -21.98054 | 271.9805 |
| Behandelt | 16 | 3.125 | 2.134781 | 8.539126 | -1.425179 | 7.675179 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 32 | 64.0625 | 35.65589 | 201.7002 | -8.658171 | 136.7832 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 121.875 | 68.99105 | | -19.02353 | 262.7735 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | degrees of freedom = 30 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.9563 | | | | | | Pr(|T| > |t|) = 0.0875 | | | | | | Pr(T > t) = 0.0437 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
992 local PValue = round( $\tau(p)$ , 0.001)
993 putexcel ('C' Line') = ('PValue')
994 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleichch.xlsx saved
995 ttest HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandelt | 16 | 457.8125 | 338.3994 | 1353.598 | -263.4688 | 1179.094 |
| Behandelt | 16 | 246.875 | 201.5419 | 806.1676 | -182.7014 | 676.4514 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 32 | 352.3438 | 194.6563 | 1101.142 | -44.66041 | 749.3479 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 210.9375 | 393.8696 | | -593.4516 | 1015.327 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | degrees of freedom = 30 |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.7019 | | | | | | Pr(|T| > |t|) = 0.5962 | | | | | | Pr(T > t) = 0.2981 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
995 local PValue = round( $\tau(p)$ , 0.001)

```

```

996 putexcel('D'line') = ('PValue')
997 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
998 test Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	16	446.875	286.2188	1144.875	-163.186 1056.936
Behandel	16	218.75	190.9202	763.6808	-188.1868 625.6868
combined	32	332.8125	170.4641	964.2006	-14.85133 680.4763
diff		228.125	344.052		-474.5228 930.7728
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)				degrees of freedom =	t = 0.6631

Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.7438 Pr(|T| > |t|) = 0.5124 degrees of freedom = 30

```

998 local PValue = round(tr(p), 0.001)
999 putexcel('E'line') = ('PValue')
1000 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1000test SchimmelEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	16	236.7188	110.6825	442.7299	-8046382 472.6329
Behandel	16	350.7813	243.631	974.5241	-168.506 870.0685
combined	32	293.75	132.0194	746.8145	24.49467 563.0053
diff		-114.0625	267.5943		-660.5629 432.4379
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)				degrees of freedom =	t = -0.4263

Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.3365 Pr(|T| > |t|) = 0.6730 degrees of freedom = 30

```

1001 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1002 putexcel('F'line') = ('PValue')
1003 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1003test BakteriensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	13	76.92308	16.12788	58.14989	41.78345 112.0627
Behandel	10	2.5	7.905694	-3.155393	8.155393
combined	23	44.56522	11.9655	57.38453	19.75029 69.38015
diff		74.42308	18.61709		35.70673 113.1384
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)				degrees of freedom =	t = 3.9976

Ho: diff = 0 Ha: diff != 0

```

1004 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1005 putexcel('G'line') = ('PValue')
1006 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1006test HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	13	136.5385	73.57707	265.2859	-23.7722 296.8491
Behandel	10	157.5	77.23071	244.225	-47.20802 302.208
combined	23	132.6087	52.25722	250.6168	24.23385 240.9835
diff		9.038462	107.8777		-215.3055 233.3824
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)				degrees of freedom =	t = 0.0838

Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.5330 Pr(|T| > |t|) = 0.9340 degrees of freedom = 21

```

1007 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1008 putexcel('H'line') = ('PValue')
1009 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1009test Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	13	207.6923	76.97114	277.5234	39.9866 375.398
Behandel	10	107.5	69.6698	220.1799	-50.00718 265.0072
combined	23	164.1304	52.92404	253.8148	54.3727 273.8882
diff		100.1923	107.0628		-122.4571 322.8417
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)				degrees of freedom =	t = 0.9358

Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
Pr(T < t) = 0.8200 Pr(|T| > |t|) = 0.3600 degrees of freedom = 21

```

1010 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1011 putexcel('I'line') = ('PValue')
1012 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1012test SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> lung)

```

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	13	190.3846	118.2823	426.4727	-67.33029 448.0995
Behandel	10	91.25	50.14043	158.558	-22.17553 204.6755
combined	23	147.2826	69.78739	334.6886	2.552425 292.0128
diff		99.13462	142.4571		-197.1212 395.3904
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 0.6989
Ha: diff != 0					t = 0.6989
Pr(T < t) = 0.7529					Pr(T > t) = 0.2471
local PValue = round(t(p), 0.001)					

1013

putexcel('J'Line') = 'FValue'

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1015ttest BakteriensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	29	103.4483	38.41703	206.8821	24.75455 182.142
Behandel	26	2.884615	1.597428	8.145315	-4053485 6.174579
combined	55	55.90909	21.23069	157.451	13.34412 98.47407
diff		100.5637	40.64058		19.04898 182.0783
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 55
Ha: diff < 0					t = 2.4745
Pr(T < t) = 0.9917					Pr(T > t) = 0.0083
local PValue = round(t(p), 0.001)					

1016

putexcel('K'Line') = 'FValue'

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1018ttest HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	29	313.7931	189.2044	1018.997	-73.7746 701.3609
Behandel	28	200.9815	128.2674	884.146	-59.24465 481.1377
combined	55	260.4545	115.4932	856.5203	28.90466 492.0044
diff		112.8116	232.988		-354.4832 580.1463
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 55
Ha: diff < 0					t = 0.4843
Pr(T < t) = 0.6849					Pr(T > t) = 0.3151
local PValue = round(t(p), 0.001)					

1019 local PValue = round(t(p), 0.001)

putexcel('L'Line') = 'FValue'

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1021ttest Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	29	339.6552	160.8082	865.9856	10.27097 669.0395
Behandel	28	175.9615	119.3611	608.6247	-69.8673 421.7804
combined	55	262.2727	101.543	753.0628	58.69134 465.8541
diff		163.6936	204.0635		-245.6059 572.9931
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 55
Ha: diff < 0					t = 0.8022
Pr(T < t) = 0.7870					Pr(T > t) = 0.2130
local PValue = round(t(p), 0.001)					

1022 local PValue = round(t(p), 0.001)

putexcel('M'Line') = 'FValue'

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1024ttest SchimmelEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandel	29	215.2483	79.54684	428.3729	55.00395 378.8926
Behandel	26	230.3615	131.3537	771.6554	-60.71603 562.6391
combined	55	232.5	82.14532	609.206	67.80855 397.1914
diff		-35.01326	166.0109		-367.989 297.9624
diff = mean(Behandel) - mean(Behandel)					
Ho: diff = 0					degrees of freedom = 55
Ha: diff < 0					t = -0.2109
Pr(T < t) = 0.4169					Pr(T > t) = 0.5831
local PValue = round(t(p), 0.001)					

1025 local PValue = round(t(p), 0.001)

putexcel('N'Line') = 'FValue'

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1027putexcel('A'Line:'N'Line'), overstreift border"bottom", "thin", "black")

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1028local Line = 'Line' + 1

1029

1030* Vergleich der Zeitpunkte (Mann-Whitney-Test)

```

1021 putexcel (A:Line') = ("Vergleich Zeitpunkte (M-W-Test)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1022putexcel (B:Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1023ranksum BakterienSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs | rank sum | expected |
|-------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt | 20  | 445      | 370      |
| Behandelt   | 16  | 221      | 296      |
| combined    | 36  | 666      | 666      |


unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -27.30
adjusted variance 959.37
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 2.421
z = 0.0155
local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1024 putexcel (C:Line') = ("P-Value")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1025ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs | rank sum | expected |
|-------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt | 20  | 370.5    | 370      |
| Behandelt   | 16  | 295.5    | 296      |
| combined    | 36  | 666      | 666      |


unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -74.79
adjusted variance 911.87
Ho: Hefen_-t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.9868
z = 0.0001
local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1027 putexcel (D:Line') = ("P-Value")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1028ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs | rank sum | expected |
|-------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt | 20  | 432      | 370      |
| Behandelt   | 16  | 234      | 296      |
| combined    | 36  | 666      | 666      |


```

```

unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -8.76
adjusted variance 977.90
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 1.983
z = 0.0474
local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1040 putexcel (E:Line') = ("P-Value")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1042ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs | rank sum | expected |
|-------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt | 20  | 387.5    | 370      |
| Behandelt   | 16  | 278.5    | 296      |
| combined    | 36  | 666      | 666      |


unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -13.71
adjusted variance 972.95
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.561
z = 0.5748
local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1043 putexcel (F:Line') = ("P-Value")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1045ranksum BakterienSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs | rank sum | expected |
|-------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt | 14  | 174      | 196      |
| Behandelt   | 13  | 204      | 182      |
| combined    | 27  | 378      | 378      |


unadjusted variance 424.67
adjustment for ties -11.02
adjusted variance 413.65
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt)
Prob > |z| = 0.274
z = 0.292

```

1046 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
 putexcel ('Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1048:ranksum HefenSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ng)
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	154	196
Behandelt	13	224	182
combined	27	378	378

unadjusted variance 424.67
 adjustment for ties -199.76
 adjusted variance 224.91
 Ho: Hefen_1t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_1t(Behand-g==Behandelt)
 Prob > |z| = 0.0051

1049 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
 putexcel ('Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1051:ranksum Bak_HefenSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ndlung)
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	155	196
Behandelt	13	223	182
combined	27	378	378

unadjusted variance 424.67
 adjustment for ties -9.07
 adjusted variance 415.59
 Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt)
 Prob > |z| = 0.0443

1046 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
 putexcel ('Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1048:ranksum HefenSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ng)
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	154	196
Behandelt	13	224	182
combined	27	378	378

unadjusted variance 424.67
 adjustment for ties -199.76
 adjusted variance 224.91
 Ho: Hefen_1t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_1t(Behand-g==Behandelt)
 Prob > |z| = 0.0051

1049 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
 putexcel ('Line') = 'PValue'
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1051:ranksum Bak_HefenSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ndlung)
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	155	196
Behandelt	13	223	182
combined	27	378	378

unadjusted variance 424.67
 adjustment for ties -9.07
 adjusted variance 415.59
 Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt)
 Prob > |z| = 0.0443

```

1022 putexcel (D'Line') = (FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1023ranksum Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 34 1118.5 1088
Behandelt 29 897.5 928
combined 63 2016 2016
unadjusted variance 5258.67
adjustment for ties -62.48
adjusted variance 5196.19
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt)
z = 0.423
Prob > |z| = 0.6722
1024 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1025 putexcel (D'Line') = (FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1026ranksum SchimmelEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 34 1177 1088
Behandelt 29 839 928
combined 63 2016 2016
unadjusted variance 5258.67
adjustment for ties -129.50
adjusted variance 5129.17
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt)
z = 1.243
Prob > |z| = 0.2140
1027 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1028 putexcel (D'Line') = (FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1029
1030local Line = 'Line' + 1
1071sleep 100
1072
1073putexcel (B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1074ranksum BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 502 370
Behandelt (1 16 164 296
combined 36 666 666
unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -105.85
adjusted variance 881.02
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 4.447
Prob > |z| = 0.0000
1075 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1076 putexcel (C'Line') = (FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1077ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 394.5 370
Behandelt (1 16 271.5 296
combined 36 666 666
unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -108.32
adjusted variance 878.35
Ho: Hefen_-t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.827
Prob > |z| = 0.4084
1078 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1079 putexcel (D'Line') = (FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1080ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Unbehandelt 20 479 370
Behandelt (1 16 187 296
combined 36 666 666
unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -25.14
adjusted variance 961.52

```

```

Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.515
Prob > |z| = 0.0004

1081 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1082 putexcel (E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1083 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt  | 20  | 390      | 370      |
| Behandelt (1 | 16  | 276      | 296      |
| combined     | 36  | 666      | 666      |


unadjusted variance 986.67
adjustment for ties -10.79
adjusted variance 975.87
Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.640
Prob > |z| = 0.5220

1084 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1085 putexcel (F'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1086 ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt  | 14  | 220.5    | 175      |
| Behandelt (1 | 10  | 79.5     | 125      |
| combined     | 24  | 300      | 300      |


unadjusted variance 291.67
adjustment for ties -50.72
adjusted variance 240.94
Ho: Bakter-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 2.973
Prob > |z| = 0.0034

1087 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1088 putexcel (G'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

```

1089 ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlu
> ng)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt  | 14  | 147      | 175      |
| Behandelt (1 | 10  | 133      | 125      |
| combined     | 24  | 300      | 300      |


unadjusted variance 291.67
adjustment for ties -168.66
adjusted variance 123.01
Ho: Hefen_-t(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -2.525
Prob > |z| = 0.0116

1090 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1091 putexcel (H'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1092 ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt  | 14  | 188.5    | 175      |
| Behandelt (1 | 10  | 111.5    | 125      |
| combined     | 24  | 300      | 300      |


unadjusted variance 291.67
adjustment for ties -25.62
adjusted variance 266.05
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.469
Prob > |z| = 0.6479

1093 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1094 putexcel (I'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1095 ranksum SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung   | obs | rank sum | expected |
|--------------|-----|----------|----------|
| Unbehandelt  | 14  | 185      | 175      |
| Behandelt (1 | 10  | 115      | 125      |
| combined     | 24  | 300      | 300      |


unadjusted variance 291.67
adjustment for ties -13.57
adjusted variance 278.10

```

Ho: Schimm-t(Behand-g==Behandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = **0.5487**

1096 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1097 putexcel('L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1098ranksum BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	1368.5	1037
Behandelt (1	26	461.5	793
combined	60	1830	1830

unadjusted variance **4493.67**

adjustment for ties **-577.97**

adjusted variance **3915.70**

Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.0000**

1099 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1100 putexcel('K'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1101ranksum HefenEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	993.5	1037
Behandelt (1	26	836.5	793
combined	60	1830	1830

unadjusted variance **4493.67**

adjustment for ties **-1680.88**

adjusted variance **3432.99**

Ho: Hefen-t(Behand-g==Behandelt) = Hefen-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.4578**

1102 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1103 putexcel('L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1104ranksum Bak_HefenEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	1241	1037
Behandelt (1	26	589	793
combined	60	1830	1830

unadjusted variance **4493.67**

adjustment for ties **-195.90**

adjusted variance **4297.76**

Ho: Bak_He-t(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.112**

1105 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1106 putexcel('M'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1107ranksum SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	1095	1037
Behandelt (1	26	735	793
combined	60	1830	1830

unadjusted variance **4493.67**

adjustment for ties **-179.04**

adjusted variance **4414.63**

Ho: Schimm-t(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.873**

1108 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1109 putexcel('N'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1110local Line = 'Line' + 1

1111sleep 100

1112

1113putexcel('B'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)")

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1114ranksum BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	16	394	264
Behandelt (1	16	264	264
combined	32	528	528

unadjusted variance **704.00**

adjustment for ties **-205.94**

adjusted variance **498.06**

Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = **0.0072**

```

1115 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)
1116 putexcel (G'Line') = ('PValue')
1117 file D:\User\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved
1117ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > n)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 16 287 264
Behandelt (1) 16 241 264
combined 32 528 528
unadjusted variance 704.00
adjustment for ties -66.45
adjusted variance 637.55
Ho: Hefen_t(Behand-g==Behandelt) = Hefen_t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.9111
z = 0.3623

1118 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)
1119 putexcel (G'Line') = ('PValue')
1120 file D:\User\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved
1120ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 16 316 264
Behandelt (1) 16 212 264
combined 32 528 528
unadjusted variance 704.00
adjustment for ties -41.81
adjusted variance 662.19
Ho: Bak_He-t(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.0433
z = 2.0211

1121 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)
1122 putexcel (E'Line') = ('PValue')
1123 file D:\User\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved
1123ranksum SchimmelEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 16 260.5 264
Behandelt (1) 16 267.5 264
combined 32 528 528

```

```

unadjusted variance 704.00
adjustment for ties -37.29
adjusted variance 666.71
Ho: Schimm-t(Behand-g==Behandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.136
z = -0.8922

1124 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)
1125 putexcel (E'Line') = ('PValue')
1126 file D:\User\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved
1126ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 13 209.5 156
Behandelt (1) 10 66.5 120
combined 23 276 276
unadjusted variance 260.00
adjustment for ties -29.16
adjusted variance 230.84
Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.0004
z = 3.6041

1127 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)
1128 putexcel (G'Line') = ('PValue')
1129 file D:\User\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved
1129ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt 13 158 156
Behandelt (1) 10 118 120
combined 23 276 276
unadjusted variance 260.00
adjustment for ties -47.14
adjusted variance 212.86
Ho: Hefen_t(Behand-g==Behandelt) = Hefen_t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.137
z = 0.8910

```

1120 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
 1131 putexcel('H Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1132ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
 > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt (1)	13	186.5	156
Behandelt (1)	10	89.5	120
combined	23	276	276

unadjusted variance 260.00
 adjustment for ties -98.48
 adjusted variance 251.52
 Ho: Bak_He-t(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.0545

1133 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1134 putexcel('I Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1135ranksum SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
 > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt (1)	13	155.5	156
Behandelt (1)	10	120.5	120
combined	23	276	276

unadjusted variance 260.00
 adjustment for ties -29.67
 adjusted variance 230.33
 Ho: Schimm-t(Behand-g==Behandelt) = Schimm-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.9737

1136 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1137 putexcel('J Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1138 ranksum BakterienEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandl
 > ung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt (1)	29	1049.5	812
Behandelt (1)	26	490.5	728
combined	55	1540	1540

unadjusted variance 3518.67
 adjustment for ties -799.06
 adjusted variance 2809.60
 Ho: Bakter-t(Behand-g==Behandelt) = Bakter-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.0000

1139 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1140 putexcel('K Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1141ranksum HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt (1)	29	893.5	812
Behandelt (1)	26	686.5	728
combined	55	1540	1540

unadjusted variance 3518.67
 adjustment for ties -432.34
 adjusted variance 3086.32
 Ho: Hefen_t(Behand-g==Behandelt) = Hefen_t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.4551

1142 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1143 putexcel('L Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1144ranksum Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt (1)	29	989.5	812
Behandelt (1)	26	590.5	728
combined	55	1540	1540

unadjusted variance 3518.67
 adjustment for ties -155.62
 adjusted variance 3363.04
 Ho: Bak_He-t(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-t(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 3.061

1145 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

```

1146 putexcel('NLine') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1147 ranksum SchlimmeSEinheit lf (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung    | obs | rank sum | expected |
|---------------|-----|----------|----------|
| Behandelt     | 29  | 798.5    | 812      |
| Behandelt (1) | 26  | 741.5    | 728      |
| combined      | 55  | 1540     | 1540     |



unadjusted variance 3518.67  

adjustment for ties -280.47  

adjusted variance 3258.19



Ho: Schimm-t(Behandlung=Behandelt) = Schimm-t(Behandlung=Behandelt (1. Woche))  

Prob > |z| = 0.217  

0.8130



1188 local PValue = round(nomprob(-abs(r(z)))^2, 0.001)
1189 putexcel('NLine') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1190
1191
1192 putexcel (B1:B'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1193 putexcel (F1:F'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1194 putexcel (M1:M'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1195 putexcel (N1:N'Line'), border("right", "thin", "black")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1196
1197 local Line = 'Line' + 1
1198 sleep 100
1199
end of do-file
1160
1161 Blätter ohne Beute, Keine pro mm:
1162 lokal Einheit = "mmg"
1163 putexcel set D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx, modify sheet(BeuteLoose)
> sheet)
1164 do "D:\user\Corina\Tabellenerstellung_P1.do"
1165 putexcel (A2) = ("Zeitpunkt")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved


```

```

1166 putexcel (B2) = ("Kennzahl")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1167 putexcel (C1) = ("Prozesscharakteristika", bold italic)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1168 putexcel (C2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1169 putexcel (D2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1170 putexcel (E2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1171 putexcel (F2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1172 putexcel (G1) = ("Drosera madagascariensis"), bold italic
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1173 putexcel (G2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1174 putexcel (H2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1175 putexcel (I2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1176 putexcel (J2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1177 putexcel (K1) = ("Gesamt"), bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1178 putexcel (K2) = ("Bakterien")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1179 putexcel (L2) = ("Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1180 putexcel (M2) = ("Bakterien & Hefen")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1181 putexcel (N2) = ("Schimmel")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1182 putexcel (O1) = ("Artenvergleich"), bold
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1183 putexcel (O2) = ("P (Bakterien)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1184 putexcel (P2) = ("P (Hefen)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1185 putexcel (Q2) = ("P (Bakterien & Hefen)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```



```

1213. putexcel (K'Line') = ('O2T BakterienEinheit')
1214. putexcel (L'Line') = ('O2T HefenEinheit')
1215. putexcel (M'Line') = ('O2T Bak_HefenEinheit')
1216. putexcel (N'Line') = ('O2T_SchimmelEinheit')
1217. sleep 100
1218. local Line = 'Line' + 1
1219. putexcel (B'Line') = ('M3_ Quartile')
1220. putexcel (C'Line') = ('Q100 BakterienEinheit')
1221. putexcel (D'Line') = ('Q300 HefenEinheit')
1222. putexcel (E'Line') = ('Q300 Bak_HefenEinheit')
1223. putexcel (F'Line') = ('Q300_SchimmelEinheit')
1224. putexcel (G'Line') = ('Q10m BakterienEinheit')
1225. putexcel (H'Line') = ('Q30m HefenEinheit')
1226. putexcel (I'Line') = ('Q30m Bak_HefenEinheit')
1227. putexcel (J'Line') = ('Q30m_SchimmelEinheit')
1228. putexcel (K'Line') = ('Q20m BakterienEinheit')
1229. putexcel (L'Line') = ('Q30m HefenEinheit')
1230. putexcel (M'Line') = ('Q30m Bak_HefenEinheit')
1231. putexcel (N'Line') = ('Q30m_SchimmelEinheit')
1232. sleep 100
1233. local Line = 'Line' + 1
1234. putexcel (B'Line') = ('M3')
1235. putexcel (C'Line') = ('N10 BakterienEinheit')
1236. putexcel (D'Line') = ('N10 HefenEinheit')
1237. putexcel (E'Line') = ('N10 Bak_HefenEinheit')
1238. putexcel (F'Line') = ('N10_SchimmelEinheit')
1239. putexcel (G'Line') = ('N10m BakterienEinheit')
1240. putexcel (H'Line') = ('N30m HefenEinheit')
1241. putexcel (I'Line') = ('N30m Bak_HefenEinheit')
1242. putexcel (J'Line') = ('N30m_SchimmelEinheit')
1243. putexcel (K'Line') = ('N1T BakterienEinheit')
1244. putexcel (L'Line') = ('N1T HefenEinheit')
1245. putexcel (M'Line') = ('N1T Bak_HefenEinheit')
1246. putexcel (N'Line') = ('N1T_SchimmelEinheit')
1247. putexcel (A'Line':R'Line'), overwritefnt border("bottom", "thin", "b
1248. sleep 100
1249. local Line = 'Line' + 1
1250. sleep 100

```

Percentiles		Bakterien / mm³	
1%	5%	Smallest	0
10%	0	0	14
25%	0	0	14
50%	1.226077	Largest	2.995694
75%	6.25	Std. Dev.	3.545648
90%	8.07742	Variance	12.57162
95%	10.18519	Skewness	8.956595
99%	10.18519	Kurtosis	2.401029

Percentiles		Bakterien / mm³	
1%	5%	Smallest	0
10%	0	0	34
25%	1.086957	0	34
50%	2.454293	Largest	5.012722
75%	7.258065	Std. Dev.	6.396763
90%	9.67742	Variance	48.39655
95%	24.39024	Skewness	2.60524
99%	33.10811	Kurtosis	10.29316

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	14	2.995694	.9476143	3.545648	.9524974 5.04689
Drosera obla	20	6.421842	1.875893	8.38925	2.49552 10.34613
combined	34	5.012722	1.193075	6.956763	2.585393 7.440051

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	14	202	245
Drosera obla	20	393	350
combined	34	595	595

unadjusted variance 816.67
 adjustment for ties -77.11
 adjusted variance 809.55

Ho: Bakter-2(Art=Drosera madagascariensis) = Bakter-2(Art=Drosera oblaecolita)
 Prob > |z| = -1.511 0.1307

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) = -3.422148 2.386294 -8.28287 1.438574
 diff = 0
 degrees of freedom = -1.4341

Ho: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0806 Pr(T > |t|) = 0.1612
 Pr(T < t) = 0.0806 Pr(T > |t|) = 0.1612

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
 Ho: diff = 0
 Pr(T < t) = 0.0806 Pr(T > |t|) = 0.1612
 degrees of freedom = -1.4341

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	20
25%	0	Sum of Wgt.	20
50%	.6949807	Mean	12.47049
75%	8.660378	Std. Dev.	26.39445
90%	54.14621	Variance	696.6672
95%	85.27136	Skewness	2.32797
99%	95.34395	Kurtosis	7.237659

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	14
25%	0	Sum of Wgt.	14
50%	0	Mean	0
75%	0	Std. Dev.	0
90%	0	Variance	0
95%	0	Skewness	0
99%	0	Kurtosis	0

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	34
25%	0	Sum of Wgt.	34
50%	0	Mean	7.33582
75%	3	Std. Dev.	20.97428
90%	15.2439	Variance	439.9204
95%	71.69565	Skewness	6.84574
99%	95.34595	Kurtosis	13.33774

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	14	0	5.901979	26.39445	.1175039
Drosera	20	12.47049	2.639445		24.82347
combined	34	7.33582	3.597059	20.97428	.0173096
diff		-12.47049	7.087204		-26.90665

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -1.7596
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 32
 Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.0440 Pr(|T| > |t|) = 0.0880 Pr(T > t) = 0.9560

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	14	169	245
Drosera obia	20	457	350
combined	34	595	595

unadjusted variance 815.67
 adjustment for ties -252.55
 adjusted variance 564.12
 Ho: Hefen_~2(Art=Drosera madagascarensis) = Hefen_~2(Art=Drosera oblaanceolata)
 z = -3.242
 Prob > |z| = 0.0012

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	.5208333	Obs	20
25%	2.17437	Sum of Wgt.	20
50%	7.765152	Mean	17.91407
75%	13.79599	Std. Dev.	32.14811
90%	60.74449	Variance	1033.501
95%	115.6444	Skewness	4.822612
99%	329.054	Kurtosis	6.822612

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	14
25%	0	Sum of Wgt.	14
50%	1.226077	Mean	2.995694
75%	6.25	Std. Dev.	3.545648
90%	8.870568	Variance	12.57162
95%	10.18519	Skewness	.956595
99%	10.18519	Kurtosis	2.401029

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	34
25%	1.086957	Sum of Wgt.	34
50%	3.297101	Mean	11.77286
75%	10	Std. Dev.	25.60291
90%	30.63413	Variance	655.5089
95%	81.85484	Skewness	3.586069
99%	129.054	Kurtosis	15.56082

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	14	9.995694	9.976143	3.545648	962.971
Drosera	20	17.91407	7.188536	32.14811	2.868292
combined	34	11.77286	4.390863	25.60291	20.70613
diff		-14.91438	8.667971		-32.57046

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -1.7206
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 32
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.0475 Pr(|T| > |t|) = 0.0950 Pr(T > t) = 0.9525

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	2.173913
50%	3.846154
75%	5
90%	9.615385
95%	15.38461
99%	15.38461
	Largest
	4.750322
	Std. Dev.
	4.423051
	Variance
	19.5632
	Skewness
	1.187991
	Kurtosis
	3.607086
	Sum of Wgt.
	13
	Obs
	13

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	1.666667
75%	4.166667
90%	15.38461
95%	22.85714
99%	36.95652
	Largest
	4.620787
	Std. Dev.
	8.094416
	Variance
	65.51957
	Skewness
	2.75437
	Kurtosis
	10.54706
	Sum of Wgt.
	29
	Obs
	29

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	4.750522	1.226728	4.423031	2.077711 7.423333
Drosera	16	4.515378	2.581499	10.326	- .986957 10.01771
combined	29	4.620787	1.505095	8.094416	1.541836 7.699739
diff		.2351435	3.077535		-6.079438 6.549724

Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.5302
 Pr(T > |t|) = 0.9397
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	13	241.5	195
Drosera obla	16	193.5	240
combined	29	435	435

unadjusted variance 520.00
 adjusted for ties -15.75
 adjusted variance 504.25
 Ho: Bakter-2(Art=Drosera madagasariensis) = Bakter-2(Art=Drosera oblaanceolata)
 Pr(> |z|) = 0.0384

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	.6881599
75%	2.61367
90%	4.03228
95%	32.85764
99%	36.95652
	Largest
	4.515378
	Std. Dev.
	10.326
	Variance
	106.6362
	Skewness
	2.657092
	Kurtosis
	7.659635
	Sum of Wgt.
	16
	Obs
	16

Bakterien / mm ³	
Percentiles	
1%	Smallest
5%	0
10%	0
25%	0
50%	1.666667
75%	4.166667
90%	15.38461
95%	22.85714
99%	36.95652
	Largest
	4.620787
	Std. Dev.
	8.094416
	Variance
	65.51957
	Skewness
	2.75437
	Kurtosis
	10.54706
	Sum of Wgt.
	29
	Obs
	29

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	4.750522	1.226728	4.423031	2.077711 7.423333
Drosera	16	4.515378	2.581499	10.326	- .986957 10.01771
combined	29	4.620787	1.505095	8.094416	1.541836 7.699739
diff		.2351435	3.077535		-6.079438 6.549724

Ho: diff = 0
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.5302
 Pr(T > |t|) = 0.9397
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	13	241.5	195
Drosera obla	16	193.5	240
combined	29	435	435

unadjusted variance 520.00
 adjusted for ties -15.75
 adjusted variance 504.25
 Ho: Bakter-2(Art=Drosera madagasariensis) = Bakter-2(Art=Drosera oblaanceolata)
 Pr(> |z|) = 0.0384

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	16
5%	0	0	0	16
10%	0	0	0	16
25%	0	0	0	16
50%	1.055807	Largest	18.95375	
75%	4.910714	Mean	58.71109	
90%	6.25	Std. Dev.	3445.592	
95%	236.9565	Variance	3.500391	
99%	236.9565	Skewness	13.52577	
		Kurtosis		

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	13
5%	0	0	0	13
10%	0	0	0	13
25%	0	0	0	13
50%	0	Largest	7.257423	
75%	6.25	Mean	14.22749	
90%	28.84615	Std. Dev.	202.4214	
95%	46.66667	Variance	2.057815	
99%	46.66667	Skewness	3.831326	
		Kurtosis		

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	29
5%	0	0	0	29
10%	0	0	0	29
25%	0	0	0	29
50%	.6410257	Largest	13.71505	
75%	6.25	Mean	44.36596	
90%	28.84615	Std. Dev.	1968.338	
95%	46.66667	Variance	4.628671	
99%	236.9565	Skewness	23.73096	
		Kurtosis		

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	7.267423	3.945995	14.22749	-1.330162 15.86501
Drosera obla	16	18.95375	14.67777	58.71109	-12.33118 50.23868
combined	29	13.71505	8.238552	44.36596	-3.160855 30.59096
diff		-11.68633	16.71938		-45.99167 22.61901

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 27
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.2453 Pr(|T| > |t|) = 0.4905
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	13	188.5	195
Drosera obla	16	246.5	240
combined	29	435	435

unadjusted variance 520.00
 adjustment for ties -46.75
 adjusted variance 473.25
 Ho: Hefen_2(Art=Drosera madagascariensis) = Hefen_2(Art=Drosera oblaanceolata)
 z = -0.299
 Prob > |z| = 0.7651

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	16
5%	0	0	0	16
10%	.7843137	Largest	18.23606	
25%	1.398601	Mean	49.60914	
50%	8.48414	Std. Dev.	2461.067	
75%	0.4877	Variance	3.357598	
90%	36.95652	Skewness	12.82833	
95%	200	Kurtosis		
99%	200			

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	13
5%	0	0	0	13
10%	1.666667	Largest	11.72048	
25%	2.5	Mean	15.01359	
50%	4.347826	Std. Dev.	225.408	
75%	11.53846	Variance	1.470821	
90%	32.69231	Skewness	4.370983	
95%	51.66667	Kurtosis		
99%	51.66667			

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	29
5%	0	0	0	29
10%	1.190476	Largest	15.31932	
25%	2.777778	Mean	37.76078	
50%	10.41667	Std. Dev.	1425.877	
75%	36.95652	Variance	4.262914	
90%	51.66667	Skewness	21.21432	
95%	200	Kurtosis		
99%	200			

Percentiles	Hefen / mm ²	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	0	0	0	29
5%	0	0	0	29
10%	1.190476	Largest	15.31932	
25%	2.777778	Mean	37.76078	
50%	10.41667	Std. Dev.	1425.877	
75%	36.95652	Variance	4.262914	
90%	51.66667	Skewness	21.21432	
95%	200	Kurtosis		
99%	200			

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	13	11.72948	4.164022	15.01359	2.656859 20.80211
Drosera obla	16	18.23606	12.40229	49.60914	-8.198787 44.6709
combined	29	15.31932	7.012001	37.76078	.9558841 29.68275
diff		-6.506576	14.30367		-35.85529 22.84214

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 27
 Ho: diff = 0 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.3264 Pr(|T| > |t|) = 0.6528
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	13	188.5	195
Drosera obla	16	246.5	240
combined	29	435	435

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	16
25%	0	Sum of Wgt.	16
50%	.2604167	Mean	9.686938
75%	1.565904	Std. Dev.	23.32126
90%	15.90909	Variance	895.2819
95%	120.3704	Skewness	3.458901
99%	120.3704	Kurtosis	13.32416

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	10
25%	0	Sum of Wgt.	10
50%	0	Mean	6.167824
75%	7.608606	Std. Dev.	11.39865
90%	26.0723	Variance	129.922
95%	34.09091	Skewness	1.737443
99%	34.09091	Kurtosis	4.657805

Percentiles		Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	26
25%	0	Sum of Wgt.	26
50%	0	Mean	8.33432
75%	2.205882	Std. Dev.	24.22792
90%	18.05556	Variance	586.9221
95%	120.3704	Skewness	4.657805
99%	120.3704	Kurtosis	19.08759

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	10	6.167824	3.60437	11.39865	-1.98628 14.32193
Drosera	16	9.686938	7.480315	23.32126	-6.236977 25.63085
combined	26	8.33432	4.751486	24.22792	-1.452436 18.1193
diff		-3.519114	9.942064		-24.03852 17.0003

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -0.3540
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 24
 Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.3632 Pr(|T| > |t|) = 0.7265 Pr(T > t) = 0.6368

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Art	obs	rank sum	expected
Drosera mada	10	134	135
Drosera obia	16	217	216
combined	26	351	351

unadjusted variance 360.00
 adjustment for ties -36.00
 adjusted variance 304.00
 Ho: Hefen_~2(Art=Drosera madagascarensis) = Hefen_~2(Art=Drosera oblaanceolata)
 Z = -0.057
 Prob > |z| = 0.9543

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	16
25%	0	Sum of Wgt.	16
50%	.2604167	Mean	8.134462
75%	1.597363	Std. Dev.	28.28282
90%	8.653846	Variance	799.3178
95%	113.8889	Skewness	13.90428
99%	113.8889	Kurtosis	13.90428

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	10
25%	0	Sum of Wgt.	10
50%	0	Mean	5.004196
75%	7.608606	Std. Dev.	10.08402
90%	20.7702	Variance	101.6876
95%	31.81818	Skewness	2.122203
99%	31.81818	Kurtosis	6.226785

Percentiles		Bak_Hefen / mm ²	
1%	0	Smallest	0
5%	0		0
10%	0	Obs	26
25%	0	Sum of Wgt.	26
50%	0	Mean	6.930513
75%	1.724138	Std. Dev.	22.78092
90%	8.653846	Variance	516.9702
95%	31.81818	Skewness	4.254448
99%	113.8889	Kurtosis	20.2802

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	10	5.004196	3.18818	10.08402	-2.908491 12.91679
Drosera	16	8.134462	7.070705	28.28282	-6.936388 23.20531
combined	26	6.930513	4.467705	22.78092	-2.270898 16.13192
diff		-3.130266	9.350842		-22.42945 16.16892

diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) t = -0.3348
 Ho: diff = 0 degrees of freedom = 24
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.3704 Pr(|T| > |t|) = 0.7407 Pr(T > t) = 0.6296


```

1224 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1225 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1226ttest SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehand | 20 | 3.622663 | 0.648953 | 3.414875 | 1.603239 | 5.642086
Behandelt | 16 | 10.16874 | 4.671655 | 18.68662 | -2.113412 | 20.12614
+-----+-----+-----+-----+-----+
combined | 36 | 6.53203 | 2.177171 | 13.06302 | 2.112138 | 10.95192
diff | -6.546076 | 4.301348 | | | -15.28747 | 2.192314
+-----+-----+-----+-----+-----+
Ho: diff = 0
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 34
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0686 Pr(|T| > |t|) = 0.1373 Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.9314
1227 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1228 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1229ttest BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehand | 14 | 2.992694 | 0.9476143 | 3.545648 | 0.9524974 | 5.04689
Behandelt | 13 | 4.750522 | 1.226728 | 4.423031 | 2.077111 | 7.423333
+-----+-----+-----+-----+-----+
combined | 27 | 3.842685 | 0.7724352 | 4.013691 | 2.254922 | 5.430448
diff | -1.750828 | 1.537167 | | | -4.916683 | 1.415027
+-----+-----+-----+-----+-----+
Ho: diff = 0
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 25
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.1328 Pr(|T| > |t|) = 0.2655 Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.8672
1240 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1241 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1242ttest HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehand | 14 | 2.992694 | 0.9476143 | 3.545648 | 0.9524974 | 5.04689
Behandelt | 13 | 4.750522 | 1.226728 | 4.423031 | 2.077111 | 7.423333
+-----+-----+-----+-----+-----+
combined | 27 | 3.842685 | 0.7724352 | 4.013691 | 2.254922 | 5.430448
diff | -1.750828 | 1.537167 | | | -4.916683 | 1.415027
+-----+-----+-----+-----+-----+
Ho: diff = 0
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 25
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.1328 Pr(|T| > |t|) = 0.2655 Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.8672

```

```

1243 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1244 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1245ttest Bak_HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehand | 14 | 2.992694 | 0.9476143 | 3.545648 | 0.9524974 | 5.04689
Behandelt | 13 | 4.750522 | 1.226728 | 4.423031 | 2.077111 | 7.423333
+-----+-----+-----+-----+-----+
combined | 27 | 7.202926 | 2.194929 | 11.40518 | 2.691185 | 11.71467
diff | -8.729789 | 4.125632 | | | -17.22669 | -2328903
+-----+-----+-----+-----+-----+
Ho: diff = 0
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 25
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0222 Pr(|T| > |t|) = 0.0445 Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.9778
1246 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1247 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1248ttest SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
> lung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
Group | Obs | Mean | Std. Err. | Std. Dev. | [95% Conf. Interval]
+-----+-----+-----+-----+-----+
Unbehand | 14 | 3.352829 | 1.093119 | 4.090977 | 0.990932 | 5.714064
Behandelt | 13 | 8.973112 | 5.456761 | 19.67463 | -2.91625 | 20.86237
+-----+-----+-----+-----+-----+
combined | 27 | 6.059733 | 2.68888 | 13.97183 | -5316599 | 11.98581
diff | -5.620289 | 5.371666 | | | -16.68374 | 5.442565
+-----+-----+-----+-----+-----+
Ho: diff = 0
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 25
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.1527 Pr(|T| > |t|) = 0.3054 Ha: diff > 0
Pr(T > t) = 0.8473
1249 local PValue = round(tr(p), 0.001)
1250 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1251 ttest BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung
> g)

```

```

Two-sample t test with equal variances
  Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehandel  34      5.012722      1.193075      6.956763      2.585393      7.440051
Behandel   29      4.629787      1.355095      8.094416      2.341936      6.997139
combined    63      4.832308      .9376407      7.442292      2.957991      6.706625
diff       -3919348      1.895909      -3.399169      4.183038
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.5815      Pr(|T| > |t|) = 0.8369      degrees of freedom = 61
Pr(T > t) = 0.4185
local PValue = round(r(p), 0.001)
1222      putexcel (K'Line') = (PValue*)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1223      test: HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
1224      test: HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
  Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehandel  34      7.335882      3.597059      20.97428      .073096      14.65385
Behandel   29      13.71505      8.238552      44.36596      -3.160855      30.59096
combined    63      10.27216      4.241428      33.66529      1.793671      18.75066
diff       -6.379472      8.540194      -23.45664      10.6977
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.2290      Pr(|T| > |t|) = 0.4579      degrees of freedom = 61
Pr(T > t) = 0.7710
local PValue = round(r(p), 0.001)
1225      putexcel (L'Line') = (PValue*)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1226      test: Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
1227      test: Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
  Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehandel  34      11.77286      4.390863      25.60291      2.839579      20.70613
Behandel   29      15.31932      7.012001      37.76078      .959841      29.68275
combined    63      13.40535      3.976158      31.55977      5.457129      21.35358
diff       -3.546462      8.028774      -19.60299      12.51006
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.3301      Pr(|T| > |t|) = 0.6603      degrees of freedom = 61
Pr(T > t) = 0.6699

```

```

1258      local PValue = round(r(p), 0.001)
1259      putexcel (M'Line') = (PValue*)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1260      test: SchmeissEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances
  Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehandel  34      3.511429      .7138927      4.162674      2.059003      4.963854
Behandel   29      9.632768      3.490521      18.79703      2.48276      16.78278
combined    63      6.329188      1.682069      13.35101      2.966781      9.691596
diff       -6.121339      3.310829      -12.74175      .4990731
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0347      Pr(|T| > |t|) = 0.0693      degrees of freedom = 61
Pr(T > t) = 0.9653
local PValue = round(r(p), 0.001)
1261      putexcel (N'Line') = (PValue*)
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1262      test: local Line = 'Line' + 1
1263      test: local Line = 'Line' + 1
1264      test: local Line = 'Line' + 1
1265      test: local Line = 'Line' + 1
1266      test: local Line = 'Line' + 1
1267      test: Vergleich der Zeitpunkte mittels T-Test
1268      test: Vergleich (B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1269      test: BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances
  Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehandel  20      6.421842      1.871893      8.38925      2.49552      10.34813
Behandel   18      0.972821      .0668953      .2675811      -.0453018      .239866
combined    36      3.610927      1.159447      6.956684      1.257123      5.96473
diff       5.449021      1.804971      3.541521      .0000000
diff = mean(Unbehandel) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.9975      Pr(|T| > |t|) = 0.0050      degrees of freedom = 34
Pr(T > t) = 0.0025
local PValue = round(r(p), 0.001)
1270      test: local Line = 'Line' + 1

```

1271 putexcel('C:Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1272ttest_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	12.47049	5.901979	26.39445	1175039 24.82347
Behandelt	16	9.66958	7.480315	29.52126	-6.256977 25.63085
combined	36	11.23335	4.606308	27.63785	1.882052 20.58466
diff		2.78351	9.39323		-16.30579 21.87289

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Pr(T < t) = 0.6156 Pr(T > |t|) = 0.7688 degrees of freedom = 34
 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.3844

1273 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1274 putexcel('D:Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1275ttest_Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	17.91407	7.188536	32.14811	2.866292 32.95985
Behandelt	16	8.13462	7.070705	28.28682	-6.536588 23.20591
combined	36	13.56758	5.077606	30.46564	3.259489 23.87567
diff		9.779608	10.23111		-11.01251 30.57172

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Pr(T < t) = 0.8271 Pr(T > |t|) = 0.3459 degrees of freedom = 34
 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.1729

1276 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1277 putexcel('E:Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1278ttest_SchimmelEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	20	3.622663	9.648333	4.314875	1.602339 5.62086
Behandelt	16	11.87329	8.376317	33.50527	-5.978409 29.72899
combined	36	7.290497	3.758395	22.55037	-3.394519 14.92045
diff		-8.252626	7.542407		-23.58064 7.07539

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Pr(T < t) = 0.0942 degrees of freedom = 34
 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9058

1280 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1281ttest_BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	2.892684	0.471613	3.545648	0.924974 5.84689
Behandelt	10	0.992857	0.882857	2.823462	-1.128926 2.922212
combined	24	1.787024	0.6219995	3.047163	-0.003196 3.073728
diff		2.910408	1.130964		0.5649322 5.255884

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Pr(T < t) = 0.9913 Pr(T > |t|) = 0.0173 degrees of freedom = 22
 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.0087

1282 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1283 putexcel('G:Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1284ttest_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	6.167824	3.60457	11.39865	-1.98628 14.32199
Behandelt	10	2.569926	1.587585	7.777546	-7.142431 5.854096
combined	24	2.569926	1.587585	7.777546	-7.142431 5.854096
diff		-6.167824	3.018596		-12.42801 0.9923608

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)
 Ho: diff = 0
 Pr(T < t) = 0.0266 Pr(T > |t|) = 0.0532 degrees of freedom = 22
 Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = 0.9734

1285 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1286 putexcel('H:Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1287ttest_Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	3.39694	.9476143	3.545648	9524974
Behandelt	10	3.084136	3.186849	10.08002	-2.209481
combined	24	3.834903	1.412969	6.922106	.911954
diff		-2.004502	2.899107		-8.016883
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					4.007879
Ho: diff = 0					t = -0.6914
Ha: diff < 0					Degrees of Freedom = 22
Pr(T < t) = 0.2483					Pr(T > t) = 0.7517

local PValue = round(t(p), 0.001)

1288 putexcel('I'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1290: test: SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	14	3.382623	1.093119	4.090077	9909832
Behandelt	10	3.884006	1.909846	6.039463	-4.868658
combined	24	3.573974	.9858221	4.878512	1.513959
diff		-0.501383	2.062182		-4.808186
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					3.745221
Ho: diff = 0					t = -0.2577
Ha: diff < 0					Degrees of Freedom = 22
Pr(T < t) = 0.3995					Pr(T > t) = 0.6005

local PValue = round(t(p), 0.001)

1291 putexcel('J'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1293: test: BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	34	5.012722	1.193075	6.96763	2.585393
Behandelt	26	.0942066	.0525044	.267721	-0.139283
combined	60	2.881365	.7431996	5.7568	1.394226
diff		4.918516	1.367865		2.180437
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					7.656594
Ho: diff = 0					t = 3.5958
Ha: diff > 0					Degrees of Freedom = 58
Pr(T < t) = 0.9997					Pr(T > t) = 0.0003

local PValue = round(t(p), 0.0007)

1297 putexcel('K'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1296: test: HefenEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	34	7.335582	3.597059	20.97428	-0.173096
Behandelt	26	8.33432	4.751486	24.22792	-1.452436
combined	60	7.767983	2.872372	22.2493	2.02038
diff		-0.9978508	5.844787		-12.69746
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					10.70176
Ho: diff = 0					t = -0.1707
Ha: diff < 0					Degrees of Freedom = 58
Pr(T < t) = 0.4325					Pr(T > t) = 0.5675

local PValue = round(t(p), 0.001)

1297 putexcel('L'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1299: test: Bak_HefenEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	34	11.77286	4.390863	25.60291	2.839579
Behandelt	26	6.930513	4.467705	22.78092	-2.270898
combined	60	9.874507	3.142182	24.33924	3.387015
diff		4.842343	6.363726		-7.89604
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					17.58073
Ho: diff = 0					t = 0.7609
Ha: diff < 0					Degrees of Freedom = 58
Pr(T < t) = 0.7751					Pr(T > t) = 0.2249

local PValue = round(t(p), 0.001)

1301 putexcel('M'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1302: test: SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	34	3.511429	.7138927	4.162674	2.059003
Behandelt	26	8.801719	5.197679	26.50306	-1.903101
combined	60	5.803888	2.288788	17.72888	1.224033
diff		-5.29029	4.606381		-14.51096
diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt)					3.930385
Ho: diff = 0					t = -1.1485
Ha: diff < 0					Degrees of Freedom = 58
Pr(T < t) = 0.1277					Pr(T > t) = 0.8723

local PValue = round(t(p), 0.2555)

1304 putexcel('N'Line') = ('PValue')

file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1303: test: HefenEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ungt)

1303 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1304 putexcel ('Line') = 'PValue'
 File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1305local Line = 'Line' + 1
 1306sleep 100

1307
 1308putexcel ('B.Line') = ('Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)')
 File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1309test BakteriensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	16	4.515378	2.581499	10.326	- 986957 10.01771
Behandelt	16	.0972821	.0668953	.2675811	-.0453018 -.239866
combined	32	2.30653	1.33071	7.527634	-.4076715 5.020332
diff		4.418096	2.582366		-.8557983 9.69199

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 30
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.9513 Pr(|T| > |t|) = 0.0974
 local PValue = round(r(p), 0.001)

1310 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1311 putexcel ('C.Line') = 'PValue'
 File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1312test HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	16	18.95375	14.67777	58.71109	-12.33118 50.23868
Behandelt	16	9.686938	7.480315	29.92126	-6.256977 25.63085
combined	32	14.32035	8.145668	46.07886	-2.292855 30.93355
diff		9.266815	16.47398		-24.37755 42.91118

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 30
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.7110 Pr(|T| > |t|) = 0.5779
 local PValue = round(r(p), 0.001)

1314 putexcel ('D.Line') = 'PValue'
 File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1315test Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	16	18.23606	12.40229	49.60914	-8.198787 44.6709
Behandelt	16	8.134462	7.070705	28.28282	-6.958588 23.20531
combined	32	13.18526	7.080407	40.05283	-1.255326 27.62585
diff		10.1016	14.27626		-19.05441 39.25761

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 30
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.7577 Pr(|T| > |t|) = 0.4847
 local PValue = round(r(p), 0.001)

1316 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1317 putexcel ('E.Line') = 'PValue'
 File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1318test SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	16	10.16874	4.671655	18.68662	-2.113412 20.12614
Behandelt	16	11.87529	8.376317	33.50527	-5.978409 29.72639
combined	32	11.02201	4.720002	26.70036	1.395506 20.64852
diff		-1.70655	9.590988		-21.29396 17.88086

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 30
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = 0.4300 Pr(|T| > |t|) = 0.8600
 local PValue = round(r(p), 0.001)

1319 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1320 putexcel ('F.Line') = 'PValue'
 File D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1321test BakteriensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	13	4.750522	1.226728	4.423031	2.077711 7.423333
Behandelt	10	.0892857	.0892857	.2823462	-.1126264 .2912684
combined	23	2.723897	.8414666	4.035532	.9788025 4.468992
diff		4.661236	1.408497		1.732107 7.590365

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) degrees of freedom = 21
 Ho: diff = 0

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9983** Pr(T > |t|) = **0.0033** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0017**
 1322 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1323 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1324test HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	13	7.267423	3.945995	14.22749	-1.330162 15.86501
Behandelt	10	6.167824	3.60457	11.39665	-1.98628 14.32193
combined	23	6.789336	2.669271	12.80137	1.253607 12.32507
diff		1.099599	5.506029		-10.35082 12.55001
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					
Ha: diff < 0					
Pr(T < t) = 0.5782					
Pr(T > t) = 0.8436					
local PValue = round(r(p), 0.001)					
putexcel ('Line') = ('PValue')					
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved					
1327test Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)					

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9969** Pr(T > |t|) = **0.0063** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0031**
 1334 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1335 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1336test HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	13	11.72948	4.164022	15.01359	2.656859 20.80211
Behandelt	10	5.004196	3.188849	10.08402	-2.209481 12.21787
combined	23	8.805445	2.767588	13.27289	3.065819 14.54507
diff		6.725287	5.522579		-4.759544 18.21012
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					
Ha: diff < 0					
Pr(T < t) = 0.8816					
Pr(T > t) = 0.2368					
local PValue = round(r(p), 0.001)					
putexcel ('Line') = ('PValue')					
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved					
1330test SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)					

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9983** Pr(T > |t|) = **0.0033** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0017**
 1322 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1323 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1324test HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	13	8.973112	5.456761	19.67463	-2.91655 20.86237
Behandelt	26	6.034006	1.939948	6.039463	-4.636558 18.24277
combined	23	6.760457	3.180895	15.25504	1.636841 13.35723
diff		5.099106	6.473036		-8.372308 18.55052
diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt)					
Ho: diff = 0					
Ha: diff < 0					
Pr(T < t) = 0.7797					
Pr(T > t) = 0.4405					
local PValue = round(r(p), 0.001)					
putexcel ('Line') = ('PValue')					
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved					
1333test BakterienEinheit if (Behandlung == 3 Behandlung == 2), by(Behandlung > lung)					

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9969** Pr(T > |t|) = **0.0063** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0031**
 1334 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1335 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1336test HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9969** Pr(T > |t|) = **0.0063** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0031**
 1334 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1335 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1336test HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9969** Pr(T > |t|) = **0.0063** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0031**
 1334 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1335 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1336test HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

Ha: diff < 0
 Pr(T < t) = **0.9969** Pr(T > |t|) = **0.0063** Ha: diff != 0
 Pr(T > t) = **0.0031**
 1334 local PValue = round(r(p), 0.001)
 1335 putexcel ('Line') = ('PValue')
 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
 1336test HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung
 > lung)

```

1337 local PValue = round(t(p), 0.001)
1338 putexcel (D'Line') = ('PValue')
1339 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1339ttest Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandel | 28 | 15.3192 | 7.01901 | 37.5628 | 9558841 | 28.68795 |
| Behandel | 28 | 6.930313 | 4.467705 | 22.78092 | -2.270898 | 16.13192 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 55 | 11.3537 | 4.258623 | 31.5628 | 2.815676 | 19.89173 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | 8.38895 | 8.532586 | -8.725395 | 25.503 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Behandel) - mean(Behandel) | degrees of freedom = 53 | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.8350 | Pr(|T| > |t|) = 0.3300 | Pr(T > t) = 0.1650 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
1340 local PValue = round(t(p), 0.001)
1341 putexcel (M'Line') = ('PValue')
1342 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1342ttest SchimmelEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample t test with equal variances
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Group | Obs | Mean | Std. Err. | [95% Conf. Interval] |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandel | 29 | 9.632768 | 3.490521 | 18.79703 | 2.48276 | 16.78278 |
| Behandel | 28 | 8.601719 | 5.197679 | 26.50506 | -1.903101 | 19.50654 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 55 | 9.239908 | 3.040854 | 22.55158 | 3.143363 | 15.33645 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff | .8310497 | 6.146907 | -11.49809 | 13.16018 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| diff = mean(Behandel) - mean(Behandel) | degrees of freedom = 53 | | | | | |
| Ho: diff = 0 | | | | | | |
| Ha: diff < 0 | | | | | | |
| Pr(T < t) = 0.5535 | Pr(|T| > |t|) = 0.8930 | Pr(T > t) = 0.4465 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
1343 local PValue = round(t(p), 0.001)
1344 putexcel (N'Line') = ('PValue')
1345 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1345putexcel (A'Line':N'Line'), overwrites border("bottom", "thin", "black")
1346 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1346local Line = 'Line' + 1
1347
1348* Vergleich der Zeitpunkte (Mann-Whitney-Test)

```

```

1349 putexcel (A'Line') = ("Vergleich Zeitpunkte (Mann-Whitney-Test)")
1350 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1350putexcel (B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt")
1351 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1351ranksum BakterienEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandlung | obs | rank sum | expected |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 443.5 | 370 |
| Behandelt | 16 | 222.5 | 296 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 36 | 666 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| unadjusted variance | 986.67 |
| adjustment for ties | -21.08 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| adjusted variance | 965.59 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Ho: Bakter-2(Behandlung=unbehandelt) = Bakter-2(Behandlung=behandelt) |
| Pr > |z| = 0.0180 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
1352 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1353 putexcel (C'Line') = ('PValue')
1354 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1354ranksum HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandlung | obs | rank sum | expected |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 370 | 370 |
| Behandelt | 16 | 296 | 296 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 36 | 666 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| unadjusted variance | 986.67 |
| adjustment for ties | -21.11 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| adjusted variance | 915.56 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Ho: Hefen_-2(Behandlung=unbehandelt) = Hefen_-2(Behandlung=behandelt) |
| Pr > |z| = 1.0000 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
1355 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1356 putexcel (D'Line') = ('PValue')
1357 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1357ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Behandlung | obs | rank sum | expected |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| Unbehandelt | 20 | 424 | 370 |
| Behandelt | 16 | 242 | 296 |
+-----+-----+-----+-----+-----+
| combined | 36 | 666 |
+-----+-----+-----+-----+-----+

```

```

1358      local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1359      putexcel ("Line") = ("PValue")
1360      file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1361      ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
-----
Unbehandelt  20  301.5  370
Behandelt    16  284.5  296
combined      36  666    666

unadjusted variance  986.67
adjustment for ties -10.92
adjusted variance   975.75
Ho: Schimm-2(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt)
z = 0.368
Prob > |z| = 0.7128

1362      local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1363      putexcel ("Line") = ("PValue")
1364      file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1365      ranksum BakterienEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
-----
Unbehandelt  14  168  196
Behandelt    13  210  182
combined      27  378  378

unadjusted variance  424.67
adjustment for ties  -4.80
adjusted variance   419.87
Ho: Bakter-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt)
z = -3.676
Prob > |z| = 0.0018

```

```

1364      local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1365      putexcel ("Line") = ("PValue")
1366      file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1367      ranksum HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ng)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
-----
Unbehandelt  14  154  196
Behandelt    13  224  182
combined      27  378  378

unadjusted variance  434.67
adjustment for ties -199.63
adjusted variance   225.04
Ho: Hefen_-2(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt)
z = -2.800
Prob > |z| = 0.0051

1368      local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1369      putexcel ("Line") = ("PValue")
1370      file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1371      ranksum Bak_HefenEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
-----
Unbehandelt  14  148  196
Behandelt    13  230  182
combined      27  378  378

unadjusted variance  424.67
adjustment for ties  -2.72
adjusted variance   421.94
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt)
z = -2.337
Prob > |z| = 0.0195

1372      local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1373      putexcel ("Line") = ("PValue")
1374      file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1375      ranksum SchimmelsEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
> dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
-----
Unbehandelt  14  212  196
Behandelt    13  166  182
combined      27  378  378

```

```

1373 unadjusted variance 424.67
    adjusted for ties -15.94
    adjusted variance 408.72
Ho: Schimm-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt)
z = 0.791
Prob > |z| = 0.4287

1374 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1374 putexcel (z|line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1375ranksum BakteriensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs       | rank sum      | expected    |
|-------------|-----------|---------------|-------------|
| Unbehandelt | <b>34</b> | <b>1158.5</b> | <b>1088</b> |
| Behandelt   | <b>29</b> | <b>857.5</b>  | <b>928</b>  |
| combined    | <b>63</b> | <b>2016</b>   | <b>2016</b> |


unadjusted variance 5258.67
adjustment for ties -86.33
adjusted variance 5172.33
Ho: Bakter-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2 (Behand-g==Behandelt)
z = 0.980
Prob > |z| = 0.3270

1376 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1377 putexcel (z|line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1378ranksum HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs       | rank sum      | expected    |
|-------------|-----------|---------------|-------------|
| Unbehandelt | <b>34</b> | <b>985.5</b>  | <b>1088</b> |
| Behandelt   | <b>29</b> | <b>1030.5</b> | <b>928</b>  |
| combined    | <b>63</b> | <b>2016</b>   | <b>2016</b> |


unadjusted variance 5258.67
adjustment for ties -880.83
adjusted variance 4277.84
Ho: Hefen-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Hefen-2 (Behand-g==Behandelt)
z = -1.967
Prob > |z| = 0.1171

1379 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

```

```

1380 putexcel (L|line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1381ranksum Bak_HerfensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs       | rank sum      | expected    |
|-------------|-----------|---------------|-------------|
| Unbehandelt | <b>34</b> | <b>1082.5</b> | <b>1088</b> |
| Behandelt   | <b>29</b> | <b>933.5</b>  | <b>928</b>  |
| combined    | <b>63</b> | <b>2016</b>   | <b>2016</b> |


unadjusted variance 5258.67
adjustment for ties -21.33
adjusted variance 5237.34
Ho: Bak_He-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt)
z = 0.076
Prob > |z| = 0.9394

1382 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1383 putexcel (M|line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1384ranksum SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung  | obs       | rank sum    | expected    |
|-------------|-----------|-------------|-------------|
| Unbehandelt | <b>34</b> | <b>1158</b> | <b>1088</b> |
| Behandelt   | <b>29</b> | <b>858</b>  | <b>928</b>  |
| combined    | <b>63</b> | <b>2016</b> | <b>2016</b> |


unadjusted variance 5258.67
adjustment for ties -104.63
adjusted variance 5154.03
Ho: Schimm-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt)
z = 0.975
Prob > |z| = 0.3295

1385 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1386 putexcel (N|line') = ('FValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1387
1388local Line = 'Line' + 1
1389sleep 100
1390
1391putexcel (B|line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

```

1392:ranksum BakterienSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	503	370
Behandelt (1)	16	163	296
combined	36	666	666

unadjusted variance 986.67
 adjustment for ties -103.62
 adjusted variance 883.05
 Ho: Bakter-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.0000

1393 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1394 putexcel (C'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1395:ranksum HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	358	370
Behandelt (1)	16	278	296
combined	36	666	666

unadjusted variance 986.67
 adjustment for ties -103.62
 adjusted variance 883.05
 Ho: Hefen_-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.606
 z = 0.5447

1396 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1397 putexcel (D'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1398:ranksum Bak HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	474	370
Behandelt (1)	16	192	296
combined	36	666	666

unadjusted variance 986.67
 adjustment for ties -21.08
 adjusted variance 965.59

Ho: Bak_He-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.0008

1399 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1400 putexcel (E'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1401:ranksum SchimmelSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	20	387	370
Behandelt (1)	16	279	296
combined	36	666	666

unadjusted variance 986.67
 adjustment for ties -4.57
 adjusted variance 982.10
 Ho: Schimm-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 0.542
 z = 0.5875

1402 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1403 putexcel (F'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1404:ranksum BakterienSEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	223	175
Behandelt (1)	10	77	125
combined	24	300	300

unadjusted variance 291.67
 adjustment for ties -46.29
 adjusted variance 245.38
 Ho: Bakter-2 (Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
 Prob > |z| = 3.064
 z = 0.0022

1405 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

1406 putexcel (G'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved

1407ranksum HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ng)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	147	175
Behandelt (1)	10	153	125
combined	24	300	300

unadjusted variance 291.67

adjustment for ties -168.66

adjusted variance 123.01

Ho: Hefen_-2(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.0116

1408 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1409 putexcel (L'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved

1410ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > ndlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	190	175
Behandelt (1)	10	110	125
combined	24	300	300

unadjusted variance 291.67

adjustment for ties -21.05

adjusted variance 270.62

Ho: Bak_He-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.3619

1411 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1412 putexcel (L'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved

1413ranksum SchimmelEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung > dlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	14	164.5	175
Behandelt (1)	10	115.5	125
combined	24	300	300

unadjusted variance 291.67

adjustment for ties -10.91

adjusted variance 280.76

Ho: Schimm-2(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.567

1414 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1415 putexcel (J'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved

1416ranksum BakterienEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	1377.5	1037
Behandelt (1)	26	422.5	793
combined	60	1800	1830

unadjusted variance 4493.67

adjustment for ties -561.36

adjusted variance 3932.30

Ho: Bakter-2(Behand-g==Unbehandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = 0.0000

1417 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1418 putexcel (K'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved

1419ranksum HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	983	1037
Behandelt (1)	26	847	793
combined	60	1830	1830

unadjusted variance 4493.67

adjustment for ties -1053.31

adjusted variance 3440.36

Ho: Hefen_-2(Behand-g==Unbehandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))

Prob > |z| = -0.921

1420 local PValue = round(normprob(-abs(r(z))))*2, 0.001)

1421 putexcel (L'Line') = ('PValue')

File D:\user\Corina\Auswertung_Artenevergleich.xlsx saved

1422ranksum Bak_HefensEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	1242	1037
Behandelt (1)	26	588	793
combined	60	1830	1830

```

unadjusted variance      4493.57
adjustment for ties     -486.25
-----
adjusted variance      4327.35
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 3.116
Prob > |z| = 0.0018
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
putexcel('H'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1425ranksum SchimmelsEinheit if (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behandlung)

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Unbehandelt	34	1086.5	1037
Behandelt (1	26	743.5	795
combined	60	1830	1830

```

unadjusted variance      4493.57
adjustment for ties     -457.56
-----
adjusted variance      4436.11
Ho: Schimm-2(Behand-g==Unbehandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.743
Prob > |z| = 0.4574

```

```

1426 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1427 putexcel('H'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1428local Line = 'Line' + 1
1429sleep 100

```

```

1430
1431putexcel('B'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1432ranksum BakterienSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)

```

```
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	16	324	264
Behandelt (1	16	204	264
combined	32	528	528

```

unadjusted variance      704.00
adjustment for ties     -198.84
-----
adjusted variance      505.16
Ho: Bakter-2(Behand-g==Behandelt) = Bakter-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 2.670
Prob > |z| = 0.0076

```

```

1433 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1434 putexcel('C'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1435ranksum HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	16	288	264
Behandelt (1	16	240	264
combined	32	528	528

```

unadjusted variance      704.00
adjustment for ties     -58.71
-----
adjusted variance      645.29
Ho: Hefen_-2(Behand-g==Behandelt) = Hefen_-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.945
Prob > |z| = 0.3448

```

```

1436 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1437 putexcel('D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1438ranksum Bak_HefenSEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	16	313	264
Behandelt (1	16	215	264
combined	32	528	528

```

unadjusted variance      704.00
adjustment for ties     -28.52
-----
adjusted variance      675.48
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.885
Prob > |z| = 0.0594

```

```

1439 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1440 putexcel('E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1441ranksum SchimmelsEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	16	263.5	264
Behandelt (1	16	264.5	264
combined	32	528	528

```

unadjusted variance      704.00
adjustment for ties     -36.90
adjusted variance      667.10
Ho: Schimm-2 (Behand-g==Behandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -0.019
Prob > |z| = 0.9846

1442 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1443 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1444 ranksum Bakterien$Einheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by (Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	13	210	156
Behandelt (1	10	66	120
combined	23	276	276

```

unadjusted variance      260.00
adjustment for ties     -28.39
adjusted variance      231.61
Ho: Bakter-2 (Behand-g==Behandelt) = Bakter-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.6004
Prob > |z| = 0.0004

```

```

1445 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1446 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1447 ranksum Hefen$Einheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by (Behandlu
> ng)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	13	158.5	156
Behandelt (1	10	117.5	120
combined	23	276	276

```

unadjusted variance      260.00
adjustment for ties     -46.89
adjusted variance      213.11
Ho: Hefen_-2 (Behand-g==Behandelt) = Hefen_-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.171
Prob > |z| = 0.8640

```

```

1448 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1449 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1450 ranksum Bak_Hefen$Einheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by (Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	13	191.5	156
Behandelt (1	10	84.5	120
combined	23	276	276

```

unadjusted variance      260.00
adjustment for ties     -7.32
adjusted variance      252.68
Ho: Bak_Re-2 (Behand-g==Behandelt) = Bak_Re-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 2.233
Prob > |z| = 0.0255

1451 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1452 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1453 ranksum Schimmels$Einheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by (Behan
> dlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	13	156.5	156
Behandelt (1	10	119.5	120
combined	23	276	276

```

unadjusted variance      260.00
adjustment for ties     -28.52
adjusted variance      231.48
Ho: Schimm-2 (Behand-g==Behandelt) = Schimm-2 (Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 0.9738
Prob > |z| = 0.33

```

```

1454 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1455 putexcel ('Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1456 ranksum Bakterien$Einheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by (Behandi
> ung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test

```

Behandlung	obs	rank sum	expected
Behandelt	29	1049.5	812
Behandelt (1	26	490.5	728
combined	55	1540	1540

```

1457 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1458 putexcel ('Line') = (PValue)
1459 ranksum HefenSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 29 855.5 812
Behandelt (2) 26 684.5 728
combined 55 1540 1540
unadjusted variance 3518.67
adjustment for ties -418.50
adjusted variance 3102.57
Ho: Hefen_2(Behand-g==Behandelt) = Hefen_2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 0.781
z = 0.4348
1460 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1461 putexcel ('Line') = (PValue)
1462 ranksum Bak_HefenSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 29 994.5 812
Behandelt (2) 26 585.5 728
combined 55 1540 1540
unadjusted variance 3518.67
adjustment for ties -123.25
adjusted variance 3395.41
Ho: Bak_He-2(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = 3.132
z = 0.0017
1463 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)

```

```

1464 putexcel ('Line') = (PValue)
1465 ranksum SchimmelSEinheit if (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
Behandlung obs rank sum expected
Behandelt (1) 29 801.5 812
Behandelt (2) 26 738.5 728
combined 55 1540 1540
unadjusted variance 3518.67
adjustment for ties -257.17
adjusted variance 3261.49
Ho: Schimm-2(Behand-g==Behandelt) = Schimm-2(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
Prob > |z| = -0.184
z = 0.8541
1466 local PValue = round(normprob(-abs(t(z)))*2, 0.001)
1467 putexcel ('Line') = (PValue)
1468 file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich.xlsx saved
1469 putexcel (B1:B'Line') = border("richt", "thin", "black")
1470 putexcel (F1:F'Line') = border("richt", "thin", "black")
1471 putexcel (J1:J'Line') = border("richt", "thin", "black")
1472 putexcel (NI:NI'Line') = border("richt", "thin", "black")
1473 putexcel (N1:N'Line') = border("richt", "thin", "black")
1474 local Line = 'Line' + 1
1475 local Line = 'Line' + 1
1476 sleep 100
1477 end of do-file
1478 Erstellen von Graphiken
1480 do "D:\user\Corina\Figures_Platten.do" // Graphiken erstellt nur aus Blättern ohne
> Beute
1481 graph close_all
1482 forecast X of variable Bakterien_Blatt,Bakterien_mm2,Hefen_Blatt,Hefen_mm2,Bak_Hefen_B
> Bak_Hefen_mm2,Schimm_Blatt,Schimm_mm2 // Schimm_mmd {
> 2. replace X1 = 0.1 if X1 == 0
> 3. } // Imputation von 0.1 statt 0, da sich 0 nicht logarithmisch darstellen l
> abc
(39 real changes made)
(50 real changes made)
(50 real changes made)
(24 real changes made)
(27 real changes made)
(27 real changes made)

```

```

1484
1485label variable Bak_Hefen_mm2 "Bakterien & Hefen / mm²"
1486label variable Bak_Hefen_Biatt "Bakterien & Hefen / Blatt"
1487
1488* Vergleich der Zeitpunkte
1489
1490
1491* Bakterien und Hefen
1492graph box Bak_Hefen_mm2, over (Behandlung, label (labcolor:black) labsize (small), axis
> is (color:none)) box(L, fcolor(g99) intensity(inten100) icolor(black) width(medium)
> | marker(L, size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) width(thick) pattern(solid)
> |) yscale(log range(0.1 1000)) yscale(icolor:black) width(medium) | pattern(solid) |
> | line ylabel(0.1 10 100 1000) ylabel labsize (mediumsmall) labcolor(black) angle(horizo
> | side) grid glwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("1")) xsize(6) ysize
> e(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white))) by(Art, rows(l))
> tregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Art, rows(l))
> | color(white) icolor(white)) name(BakHefenmm2Zeit, replace)
1493graph save BakHefenmm2Zeit "D:\user\Corina\BakHefenmm2Zeit.gph", replace
(file D:\user\Corina\BakHefenmm2Zeit.gph saved)
1494graph export "D:\user\Corina\BakHefenmm2Zeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\BakHefenmm2Zeit.png written in PNG format)
1495
1496graph box Bak_Hefen_Biatt, over (Behandlung, label (labcolor:black) labsize (small), ax
> is (color:none)) box(L, fcolor(g99) intensity(inten100) icolor(black) width(medium)
> | marker(L, size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) width(thick) medi
> |) yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor:black) width(medium) | pattern(solid)
> | line ylabel(0.1 10 100 1000) ylabel labsize (mediumsmall) labcolor(black) ang
> | t (outside) grid glwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("1")) xsize
> e(6) ysize(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white))) by(Art,
> | tregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(white) icolor(w
> | | color(white) icolor(white)) name(BakHefenBiattZeit, replace)
1497graph save BakHefenBiattZeit "D:\user\Corina\BakHefenBiattZeit.gph", replace
(file D:\user\Corina\BakHefenBiattZeit.gph saved)
1498graph export "D:\user\Corina\BakHefenBiattZeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\BakHefenBiattZeit.png written in PNG format)
1499
1500* Bakterien
1501graph box Bakterien_mm2, over (Behandlung, label (labcolor:black) labsize (small), axis
> is (color:none)) box(L, fcolor(g99) intensity(inten100) icolor(black) width(medium)
> | marker(L, size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) width(thick) medi
> |) yscale(log range(0.1 1000)) yscale(icolor:black) width(medium) | pattern(solid) |
> | line ylabel(0.1 10 100 1000) ylabel labsize (mediumsmall) labcolor(black) angle(horizo
> | side) grid glwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("1")) xsize(6) ysize
> e(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white))) by(Art, rows(l))
> tregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Art, rows(l))
> | color(white) icolor(white)) name(Bakterienmm2Zeit, replace)

```

```

1502graph save Bakterienmm2Zeit "D:\user\Corina\Bakterienmm2Zeit.gph", replace
(file D:\user\Corina\Bakterienmm2Zeit.gph saved)
1503graph export "D:\user\Corina\Bakterienmm2Zeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\Bakterienmm2Zeit.png written in PNG format)
1504
1505graph box Bakterien_Biatt, over (Behandlung, label (labcolor:black) labsize (small), ax
> is (color:none)) box(L, fcolor(g99) intensity(inten100) icolor(black) width(medium)
> | marker(L, size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) width(thick) | pattern(soli
> |) yscale(log range(0.1 100 1000)) yscale(icolor:black) width(medium) | pattern(solid)
> | line ylabel(0.1 10 100 1000) ylabel labsize (mediumsmall) labcolor(black) angle(horizo
> | n(inside) format(9.02) ticks tcolor(black) tlength(tiny) twidth(medium) tposi
> | e(6) ysize(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white))) by(, note("1")) xsize
> e(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white))) by(Art, rows(l))
> | color(white) icolor(white)) name(BakterienBiattZeit, replace)
1506graph save BakterienBiattZeit "D:\user\Corina\BakterienBiattZeit.gph", replace
(file D:\user\Corina\BakterienBiattZeit.gph saved)
1507graph export "D:\user\Corina\BakterienBiattZeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\BakterienBiattZeit.png written in PNG format)
1508
1509* Hefen
1510graph box Hefen_mm2, over (Behandlung, label (labcolor:black) labsize (small), axis(L,
> is (color:none)) box(L, fcolor(g99) intensity(inten100) icolor(black) width(medium) | pa
> | ttern(solid) medtype(cline) medline(icolor:black) width(thick) pattern(solid)) ma
> | x(L, msize(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) width(medium)) y
> | scale(log range(0.1 100 1000)) yscale(icolor:black) width(medium) | pattern(solid)
> | ylabel(0.1 10 100 1000) ylabel labsize (mediumsmall) labcolor(black) angle(horizonta
> | l) format(9.02) ticks tcolor(black) tlength(tiny) twidth(medium) position(outside)
> | grid glwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("1")) xsize(6) ysize(4)
> | | tregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Art, rows(l)) sub
> | title(, fcolor(white) icolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(white) icolor
> | | (white) icolor(white)) name (Hefenmm2Zeit, replace)
1511graph save Hefenmm2Zeit "D:\user\Corina\Hefenmm2Zeit.gph", replace
(file D:\user\Corina\Hefenmm2Zeit.gph saved)
1512graph export "D:\user\Corina\Hefenmm2Zeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\Hefenmm2Zeit.png written in PNG format)
1513
1514graph box Hefen_Biatt, over (Behandlung, label (labcolor:black) labsize (small), axis(L
> is (color:none)) box(L, fcolor(g99) intensity(inten100) icolor(black) width(medium) | pa
> | ttern(solid) medtype(cline) medline(icolor:black) width(thick) pattern(solid)) ma
> | x(L, msize(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) width(medium)) y
> | yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor:black) width(medium) | pattern(solid) |
> | horizontal format(9.02) ticks tcolor(black) tlength(tiny) twidth(medium) tposi
> | o(inside) format(9.02) ticks tcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("1")) xsize(6)
> | ysize(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white)) icolor(white)
> | | color(white) icolor(white)) name (HefenBiattZeit, replace)

```

```

1515graph save HefenBlattZeit "D:\user\Corina\HefenBlattZeit.ghp", replace
(file D:\user\Corina\HefenBlattZeit.ghp saved)
1516graph export "D:\user\Corina\HefenBlattZeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\HefenBlattZeit.png written in PNG format)
1517
1518* Schimmel
1519graph box Schimmel_mm2, over(Behandlung, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(x
icolor(none))) box(l, fcolor(g99) intensity(inten00) icolor(black) width(medium) ipat
tern(solid)) medtype(cilne) medline(icolor(black) width(thick) pattern(solid))
marker(l, msize(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium))
yscale(log range(0.1 100)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) lin
e(l, fcolor(g99) ticks(icolor(black) tlen(1tiny) twidth(medium) position(outside)) g
ratic) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("w")) xsize(4) by
(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) plotregion
(, fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Behandlung, total ro
w) plotrows(2)) subtitle(, fcolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(white) icolor
(white) icolor(white)) name(Schimmelmm2Zeit, replace)
1520graph save Schimmelmm2Zeit "D:\user\Corina\Schimmelmm2Zeit.ghp", replace
(file D:\user\Corina\Schimmelmm2Zeit.ghp saved)
1521graph export "D:\user\Corina\Schimmelmm2Zeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\Schimmelmm2Zeit.png written in PNG format)
1522
1523graph box Schimmel_Biatt, over(Behandlung, label(labcolor(black) labsize(small)) axi
icolor(none))) box(l, fcolor(g99) intensity(inten00) icolor(black) width(medium) ipat
tern(solid)) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) ysc
ale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(m, yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(l, fcolor(g99) ticks(icolor(black) tlen(1tiny) twidth(medium) position(outside)) g
ratic) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("w")) xsize
(6) ysize(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(whi
te)) plotregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Att,
total row) plotrows(2)) subtitle(, fcolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(whi
te) icolor(white) icolor(white)) name(SchimmelBlattZeit, replace)
1524graph save SchimmelBlattZeit "D:\user\Corina\SchimmelBlattZeit.ghp", replace
(file D:\user\Corina\SchimmelBlattZeit.ghp saved)
1525graph export "D:\user\Corina\SchimmelBlattZeit.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\SchimmelBlattZeit.png written in PNG format)
1526
1527
1528* Vergleich der Arten
1529graph save VergleichDerArten "D:\user\Corina\VergleichDerArten.ghp", replace
(file D:\user\Corina\VergleichDerArten.ghp saved)
1530
1531* Bakterien und Hefen
1532graph box Bak_Hefen_mm2, over(Att, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(icol
or(orange))) box(l, fcolor(g99) intensity(inten00) icolor(black) width(medium) ipat
tern(solid)) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) ysc
ale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(m, yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(l, fcolor(g99) ticks(icolor(black) tlen(1tiny) twidth(medium) position(outside)) g
ratic) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("w")) xsize(6) y
size(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) p
lotregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Behandlung,
total row) plotrows(2)) subtitle(, fcolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(whi
te) icolor(white) icolor(white)) name(BakHefenmm2Arten, replace)

```

```

1533graph save BakHefenmm2Arten "D:\user\Corina\BakHefenmm2Arten.ghp", replace
(file D:\user\Corina\BakHefenmm2Arten.ghp saved)
1534graph export "D:\user\Corina\BakHefenmm2Arten.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\BakHefenmm2Arten.png written in PNG format)
1535
1536graph box Bak_Hefen_Biatt, over(Att, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(icol
or(orange))) box(l, fcolor(g99) intensity(inten00) icolor(black) width(medium) ipat
tern(solid)) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) ysc
ale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(m, yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(l, fcolor(g99) ticks(icolor(black) tlen(1tiny) twidth(medium) position(outside)) g
ratic) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("w")) xsize(6) y
size(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) p
lotregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Behandlung,
total row) plotrows(2)) subtitle(, fcolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(whi
te) icolor(white) icolor(white)) name(BakHefenBlattArten, replace)
1537graph save BakHefenBlattArten "D:\user\Corina\BakHefenBlattArten.ghp", replace
(file D:\user\Corina\BakHefenBlattArten.ghp saved)
1538graph export "D:\user\Corina\BakHefenBlattArten.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\BakHefenBlattArten.png written in PNG format)
1539
1540* Bakterien
1541graph box Bakterien_mm2, over(Att, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(icol
or(orange))) box(l, fcolor(g99) intensity(inten00) icolor(black) width(medium) ipat
tern(solid)) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) ysc
ale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(m, yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(l, fcolor(g99) ticks(icolor(black) tlen(1tiny) twidth(medium) position(outside)) g
ratic) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("w")) xsize(4) by
(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) plotregion
(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Behandlung, total ro
w) plotrows(2)) subtitle(, fcolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(white) icol
or(white) icolor(white) icolor(white)) name(Bakterienmm2Arten, replace)
1542graph save Bakterienmm2Arten "D:\user\Corina\Bakterienmm2Arten.ghp", replace
(file D:\user\Corina\Bakterienmm2Arten.ghp saved)
1543graph export "D:\user\Corina\Bakterienmm2Arten.png", as(png) replace
(file D:\user\Corina\Bakterienmm2Arten.png written in PNG format)
1544
1545graph box Bakterien_Biatt, over(Att, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(icol
or(orange))) box(l, fcolor(g99) intensity(inten00) icolor(black) width(medium) ipat
tern(solid)) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) ysc
ale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(m, yscale(log range(0.1 10000)) yscale(icolor(black) width(medium) pattern(solid)) ysc
ale(l, fcolor(g99) ticks(icolor(black) tlen(1tiny) twidth(medium) position(outside)) g
ratic) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid)) by(, note("w")) xsize(6) y
size(4) by(, graphregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) p
lotregion(fcolor(white) icolor(white) icolor(white) icolor(white)) by(Behandlung,
total row) plotrows(2)) subtitle(, fcolor(white) icolor(white)) graphregion(fcolor(whi
te) icolor(white) icolor(white)) name(BakterienBlattArten, replace)

```

```

1546graph save BakterienBlattArten "D:\user\Corina\BakterienBlattArten.gph", replace
(file D:\user\Corina\BakterienBlattArten.gph saved)
1547graph export "D:\user\Corina\BakterienBlattArten.png", as(png), replace
(file D:\user\Corina\BakterienBlattArten.png written in PNG format)
1548 Hefen
1549graph box Hefen mm2, over(art, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(lcolor(n
> e)) box(l, fcolor(g99), finensity(inten100) lcolor(black) lwidth(medium) lpatern(s
> ell)) medtype(cline) medline(lcolor(black) lwidth(thick) lpatern(solid)) marker(l
> size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) yscale
> (0..1) 10 100 1000, labels(labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizontal) forma
> t(%0.1f) 10 100 1000, labels(labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizontal) forma
> t(%9.0f) ticks tcolor(black) length(tiny) twidth(medium) tposition(outside) grid
> lwidth(thin) gcolor(g99) gpatern(solid)) by(, note("")), xsize(4) ysize(4) pl
> lwidth(1) lcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) by(Behandlung, total rows(2
> )) subtitle(, fcolor(white) lcolor(white)) graphregion(fcolor(white) lcolor(white) i
> color(white) lcolor(white)) name(Hefenmm2Arten, replace)
(file D:\user\Corina\Hefenmm2Arten.gph saved)
1550graph save Hefenmm2Arten "D:\user\Corina\Hefenmm2Arten.gph", -replace
(file D:\user\Corina\Hefenmm2Arten.gph saved)
1551graph export "D:\user\Corina\Hefenmm2Arten.png", as(png), replace
(file D:\user\Corina\Hefenmm2Arten.png written in PNG format)
1552 graph box Hefen Blatt, over(art, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(lcolor(n
> e)) box(l, fcolor(g99), finensity(inten100) lcolor(black) lwidth(medium) lpatern(n
> solid)) medtype(cline) medline(lcolor(black) lwidth(thick) lpatern(solid)) marker(
> l, size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) yscale
> (0..1) 10 100 1000, labels(labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizontal) forma
> t(%0.1f) 10 100 1000, labels(labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizontal) forma
> t(%9.0f) ticks tcolor(black) length(tiny) twidth(medium) tposition(outside) grid
> del grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpatern(solid)) by(, note("")), xsize(6) ysize(
> 6) plwidth(1) lcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) by(Behandlung, tot
> al rows(2)) subtitle(, fcolor(white) lcolor(white)) graphregion(fcolor(white) lcolor
> (white) lcolor(white) lcolor(white)) name(HefenBlattArten, replace)
(file D:\user\Corina\HefenBlattArten.gph saved)
1555graph save HefenBlattArten "D:\user\Corina\HefenBlattArten.gph", replace
(file D:\user\Corina\HefenBlattArten.gph saved)
1556graph export "D:\user\Corina\HefenBlattArten.png", as(png), replace
(file D:\user\Corina\HefenBlattArten.png written in PNG format)

```

```

1550graph save SchimmelBlatt, over(art, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(lcolor(n
> e)) box(l, fcolor(g99), finensity(inten100) lcolor(black) lwidth(medium) lpatern(n
> solid)) medtype(cline) medline(lcolor(black) lwidth(thick) lpatern(solid)) marker
> (l, size(medium) msymbol(circle) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium)) ysc
> ale(0..1) 10 100 1000, labels(labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizontal)
> format(%0.1f) 10 100 1000, labels(labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizontal)
> format(%9.0f) ticks tcolor(black) length(tiny) twidth(medium) tposition(outside)
> grid del grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpatern(solid)) by(, note("")), xsize(6) ysi
> ze(4) plwidth(1) lcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) by(Behandlung, pl
> lwidth(1) lcolor(white) lcolor(white)) graphregion(fcolor(white) lcolor(white) i
> color(white) lcolor(white) lcolor(white)) name(SchimmelBlattArten, replace)
(file D:\user\Corina\SchimmelBlattArten.gph saved)
1564graph save SchimmelBlattArten "D:\user\Corina\SchimmelBlattArten.gph", replace
(file D:\user\Corina\SchimmelBlattArten.gph saved)
1565graph export "D:\user\Corina\SchimmelBlattArten.png", as(png), replace
(file D:\user\Corina\SchimmelBlattArten.png written in PNG format)
1566
1567graph close_all
1568
1569 end of do-file
1570
1571* Zusammenfassen der Cultivabale Units
1572collapse (mean) Bak_Hefen_Blatt Bak_Hefen_mm2, by(Art Behandlung)
1573label variable Bak_Hefen_Blatt "CfUs / Blatt"
1574format %9.1f Bak_Hefen_Blatt
1575label variable Bak_Hefen_mm2 "CfUs / mm2"
1576format %9.1f Bak_Hefen_mm2
1577save "D:\user\Corina\Mean_Platten.dta", replace
(file D:\user\Corina\Mean_Platten.dta saved)
1578
1579
1580 end of do-file
1581do "D:\user\Corina\Analyse_Dioc.do"
1582* ANALYSE OBJEKTFRÄGER
1583* =====
1585col1

```

```

1586clear
1587graph close _all
1588use "D:\User\Corina\bioc.dta", clear
1589putexcel set D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx, replace sheet(Bak_H
> efen.Hefen)
Note: file will be replaced when the first putexcel command is issued
1590global Einheit = "Tentakel"
1591generate Bak_Hefen_Tentakel = Bak_Hefen
1592label variable Bak_Hefen_Tentakel "Bakterien & Hefen pro Tentakel."
1593
1594*** Graphiken
1595***
1596***
1597***
1598graph box Bak_Hefen_Tentakel, over(Behandlung, label(labcolor(black) labsize(small))
> dnum lpattern(solid) msdtype(cline) medicine(lcolor(black) width(thick) lpwidth(me
> ed)) marker(msize(medium) mcolor(circl) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(m
> ed)) ylab(1000 10000 100000) xlab(100 1000 10000) width(thick) lpwidth(m
> ed) line ylab(1000 10000 100000) labels labsize(medsmall) labcolor(black) angle(hor
> izontal) format(%9.0F) ticks lcolor(black) tlength(tiny) twidth(medium) tposition(
> outside) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid) by(, note(*)) size(d) y
> axis(1) subrtile(, fcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) by(art, rows
> plotregion(fcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) by(art, rows
> l) subrtile(, fcolor(white) lcolor(white)) graphregion(fcolor(white) lcolor(white)
> lcolor(white) lcolor(white)) name(Bak_Hefen_TentakelZeit, replace)
1600graph save Bak_Hefen_TentakelZeit "D:\User\Corina\Bak_Hefen_TentakelZeit.gph", repla
> ce
(file D:\User\Corina\Bak_Hefen_TentakelZeit.gph saved)
1601graph export "D:\User\Corina\Bak_Hefen_TentakelZeit.png", as(png) replace
(file D:\User\Corina\Bak_Hefen_TentakelZeit.png written in PNG format)
1602
1603*** Vergleich der Arten
1604graph box Bak_Hefen_Tentakel, over(art, label(labcolor(black) labsize(small)) axis(1
> color(white)) box(1, fcolor(g99) intensity(inten100) lcolor(black) lwidth(medium) l
> marker(msize(medium) mcolor(circl) mcolor(g99) mcolor(black) mwidth(medium))
> yscale(log range(100 100000)) yscale(lcolor(black) width(medium) lpattern(solid) l
> ne) ylab(100 1000 10000, labels labsize(medsmall) labcolor(black) angle(horizonta
> l) grid gwidth(thin) gcolor(g99) gpattern(solid) by(none(*)) size(6) yaxis(4
> by(, graphregion(fcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) plotreg
> ion(fcolor(white) lcolor(white) lcolor(white)) lcolor(white)) by(behandlung, total
> was(2)) subrtile(, fcolor(white) lcolor(white)) graphregion(fcolor(white) lcolor(w
> hite) lcolor(white) lcolor(white)) name(BakHefenTentakelArten, replace)
1605graph save BakHefenTentakelArten "D:\User\Corina\BakHefenTentakelArten.gph", replace
(file D:\User\Corina\BakHefenTentakelArten.gph saved)

```

```

1606graph export "D:\User\Corina\BakHefenTentakelArten.png", as(png) replace
(file D:\User\Corina\BakHefenTentakelArten.png written in PNG format)
1607
1608graph close _all
1609
1610*** Tabellen
1611***
1612***
1613putexcel (A2) = ("Zeitpunkt")
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1614putexcel (B2) = ("Gesamt")
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1615putexcel (C1) = ("Drosera oblanceolata"), bold italic
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1616putexcel (D1) = ("Drosera madagascariensis"), bold italic
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1617putexcel (E1) = ("Gesamt"), bold
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1618putexcel (F1) = ("Artenvergleich"), bold
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1619
1620putexcel (A1:F1), overwritemf border("bottom", "thin", "black")
file D:\User\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1621sleep 100
1622
1623local Line = 2
1624
1625foreach T of numlist 1(1)3 (
3.
foreach Par of varlist Bak_HefenStinheit = 'T' & Art == 2, detail
4.
local MeanBak_Par = roundtr(mean), 0.1)
5.
local SD_Par = roundtr(sd), 0.1)
6.
local Q1Bak_Par = roundtr(p25), 0.1)
7.
local Q2Bak_Par = roundtr(p50), 0.1)
8.
local Q3Bak_Par = roundtr(p75), 0.1)
9.
local N_Bak_Par = roundtr(N), 0)
10.
summarize Par' if Behandlung == 'T' & Art == 1, detail
1626
local MeanBak_Par = roundtr(mean), 0.1)
local SD_Par = roundtr(sd), 0.1)
local Q1Bak_Par = roundtr(p25), 0.1)
local Q2Bak_Par = roundtr(p50), 0.1)
local Q3Bak_Par = roundtr(p75), 0.1)
local N_Bak_Par = roundtr(N), 0)
1627
summarize Par' if Behandlung == 'T', detail
18.
local MeanT_Par = roundtr(mean), 0.1)
19.
local SD_T_Par = roundtr(sd), 0.1)
20.
local Q1T_Par = roundtr(p25), 0.1)
21.
local Q2T_Par = roundtr(p50), 0.1)
22.
local Q3T_Par = roundtr(p75), 0.1)
23.
local NT_Par = roundtr(N), 0)
24.

```

```

1628 ttest 'Par' if Behandlung == 'T', by(art)
1629 local PT_Par = round(t(p), 0.001)
1630 ranksum local PMW_Par = round(normprob(-abs(t(z)))^2, 0.001)
1631 }
1632
1633 putexcel (A1:Line) = "Lokal Behandlung 'T'"
1634 putexcel (B1:Line) = ("Mitrolwert")
1635 putexcel (C1:Line) = ("MeanDo_Bak_HefensEinheit")
1636 putexcel (D1:Line) = ("SDDo_Bak_HefensEinheit")
1637 putexcel (E1:Line) = ("MDo_Bak_HefensEinheit")
1638 putexcel (F1:Line) = ("SDT_Bak_HefensEinheit")
1639 putexcel (G1:Line) = ("PMW_Bak_HefensEinheit")
1640
1641 sleep 100
1642 local Line = 'Line' + 1
1643 putexcel (B'Line) = ("Standardabweichung")
1644 putexcel (C'Line) = ("SDDo_Bak_HefensEinheit")
1645 putexcel (D'Line) = ("MDo_Bak_HefensEinheit")
1646 putexcel (E'Line) = ("SDT_Bak_HefensEinheit")
1647 putexcel (F'Line) = ("PMW_Bak_HefensEinheit")
1648
1649 sleep 100
1650 local Line = 'Line' + 1
1651 putexcel (B'Line) = ("Median")
1652 putexcel (C'Line) = ("Q2Do_Bak_HefensEinheit")
1653 putexcel (D'Line) = ("Q2M_Bak_HefensEinheit")
1654 putexcel (E'Line) = ("Q2T_Bak_HefensEinheit")
1655
1656 sleep 100
1657 local Line = 'Line' + 1
1658 putexcel (B'Line) = ("3. Quartile")
1659 putexcel (C'Line) = ("Q3Do_Bak_HefensEinheit")
1660 putexcel (D'Line) = ("Q3M_Bak_HefensEinheit")
1661 putexcel (E'Line) = ("Q3T_Bak_HefensEinheit")
1662
1663 sleep 100
1664 local Line = 'Line' + 1
1665 putexcel (B'Line) = ("NDo_Bak_HefensEinheit")
1666 putexcel (C'Line) = ("NDo_Bak_HefensEinheit")
1667 putexcel (D'Line) = ("NDo_Bak_HefensEinheit")
1668

```

```

1646 putexcel (A'Line':F'Line'), overwrite term border("bottom", "thin", "b
> lack")
1647 sleep 100
1648 local Line = 'Line' + 1
1649 sleep 100
1650 }

```

Bakterien & Hefen pro Tentakel

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	181	20	20
5%	181	20	20
10%	242	265	20
25%	305	287	20
50%	420	Mean	526.8
		Std. Dev.	295.1163
75%	702.5	Variance	87083.64
90%	961.5	Skewness	1.02257
95%	1311	Kurtosis	3.35527
99%	1287		

Bakterien & Hefen pro Tentakel

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	329	40	40
5%	379	429	20
10%	429	466	20
25%	494.5	Mean	774.95
50%	566	Std. Dev.	408.47
75%	1038.5	Variance	166847.7
90%	1488.5	Skewness	.964915
95%	1550.5	Kurtosis	2.402373
99%	1602		

Bakterien & Hefen pro Tentakel

Percentiles	Smallest	Obs	Sum of Wgt.
1%	151	40	40
5%	219	265	20
10%	242	287	20
25%	403	Mean	650.875
50%	527.5	Std. Dev.	373.5028
75%	795.5	Variance	139504.4
90%	999.5	Skewness	1.1306
95%	1488.5	Kurtosis	3.357349
99%	1602		

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Drosera	20	774.95	91.33667	408.47	583.7802 966.1198
Drosera	20	526.8	65.99002	295.1163	388.6813 664.9187
combined	40	650.875	59.05598	373.5028	531.423 770.327
diff		248.15	112.6813		20.03869 476.2613

Ho: diff = mean(Drosera) - mean(Drosera) degrees of freedom = 2.2022
 Ha: diff != 0
 Pr(T < t) = 0.9831 Pr(|T| > |t|) = 0.0338 Pr(T > t) = 0.0169
 Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


```

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehand  20      526.8      65.99002      295.1163      388.6813      664.9187
Behandel  20      727.6      139.5864      491.8742      397.3958      957.8842
combined  40      627.2      65.31409      413.0625      495.0898      759.3102
diff      -200.8      128.2642      -460.4372      58.85722
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0629      Pr(|T| > |t|) = 0.1258      degrees of freedom = 38
Pr(T > t) = 0.9371
local PValue = round(r(p), 0.001)
1655      local PValue = round(r(p), 0.001)
1656      putexcel (C'Line') = (PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1657test: Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Behand
> lung)

```

```

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehand  20      774.95     91.35667      408.47      583.7892      966.1188
Behandel  20      1931.05    202.5878      905.8213    1527.113      2974.987
combined  40      1363      144.5416      914.1614    1070.637      1655.363
diff      -1176.1     222.1891      -1625.898     -726.3017
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0000      Pr(|T| > |t|) = 0.0000      degrees of freedom = 38
Pr(T > t) = 1.0000
local PValue = round(r(p), 0.001)
1658      local PValue = round(r(p), 0.001)
1659      putexcel (D'Line') = (PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1660test: Bak_HefensEinheit if Behandlung == 1 | Behandlung == 2, by(Behandlung)

```

```

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehand  40      650.875    59.05598      373.5028    531.423      770.327
Behandel  40      1359.325   150.1173      949.4249    1035.684      1642.966
combined  80      995.1      89.01255      796.1524    817.925      1172.275
diff      -688.45     161.3158      -1009.605     -367.2948
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0000      Pr(|T| > |t|) = 0.0001      degrees of freedom = 78
Pr(T > t) = 1.0000

```

```

1661      local PValue = round(r(p), 0.001)
1662      putexcel (E'Line') = (PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1663local Line = Line' + 1
1664sleep 100
1665
1666putexcel (B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1667test: Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behand
> lung)

```

```

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehand  20      526.8      65.99002      295.1163      388.6813      664.9187
Behandel  20      386.55     71.04922      317.7416    237.8423      555.2577
combined  40      456.675    49.15776      310.901     357.2441      556.1059
diff      140.25      96.96739      -56.05021     336.5502
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.9219      Pr(|T| > |t|) = 0.1563      degrees of freedom = 38
Pr(T > t) = 0.0781
local PValue = round(r(p), 0.001)
1668      local PValue = round(r(p), 0.001)
1669      putexcel (C'Line') = (PValue')
File D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1670test: Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Behand
> lung)

```

```

Two-sample t test with equal variances
Group      Obs      Mean      Std. Err.      Std. Dev.      [95% Conf. Interval]
Unbehand  20      774.95     91.35667      408.47      583.7892      966.1188
Behandel  20      1848.85    383.8261      1716.522    1046.495      2653.207
combined  40      1312.4     212.8963      1346.474    881.7766      1743.023
diff      -1074.9     394.5439      -1873.612     -276.1877
diff = mean(Unbehand) - mean(Behandel)
Ho: diff = 0
Ha: diff < 0
Pr(T < t) = 0.0048      Pr(|T| > |t|) = 0.0097      degrees of freedom = 38
Pr(T > t) = 0.9952
local PValue = round(r(p), 0.001)
1671      local PValue = round(r(p), 0.001)

```

1672 putexcel ('D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1673ttest Bak_HefensEinheit if Behandlung == 1 | Behandlung == 3, by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Unbehandelt	40	650.875	59.05598	373.5028	531.423 770.327
Behandelt	40	1118.2	225.4813	1426.069	662.121 1574.279
combined	80	884.5375	118.7499	1062.132	648.1717 1120.903

diff = mean(Unbehandelt) - mean(Behandelt) t = -3.284934
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(|T| > |t|) = 0.0484 degrees of freedom = 78
 Pr(T < t) = 0.0242 local PValue = round(r(p), 0.001) Ha: diff > 0
 Pr(T > t) = 0.9758

1674 local PValue = round(r(p), 0.001)

1675 putexcel ('E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1676local Line = 'Line' + 1
1677sleep 100

1678 putexcel ('S'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1. Woche)");
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1680ttest Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > Lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	727.6	109.9864	491.8742	497.3958 957.8042
Behandelt	20	386.55	71.04922	317.7418	237.8423 535.2577
combined	40	557.075	70.15666	443.7097	415.1698 698.9802

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) t = 75.97798 degrees of freedom = 38
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(|T| > |t|) = 0.0131 local PValue = round(r(p), 0.001) Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.9935 Pr(T > t) = 0.0065

1691 local PValue = round(r(p), 0.001)

1692 putexcel ('G'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1683ttest Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Behandlung > Lung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	20	1951.05	202.5478	905.8913	1507.113 2374.987
Behandelt	20	1841.85	393.8261	1716.522	1046.493 2653.207
combined	40	1900.45	214.3486	1355.659	1466.889 2334.011

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) t = -0.2332 degrees of freedom = 38
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(|T| > |t|) = 0.8169 local PValue = round(r(p), 0.001) Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.5916 Pr(T > t) = 0.4084

1684 local PValue = round(r(p), 0.001)

1685 putexcel ('D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1686ttest Bak_HefensEinheit if Behandlung == 3 | Behandlung == 2, by(Behandlung)

Two-sample t test with equal variances

Group	Obs	Mean	Std. Err.	Std. Dev.	[95% Conf. Interval]
Behandelt	40	1339.325	150.1173	949.4249	1035.684 1642.966
Behandelt	40	1118.2	225.4813	1426.069	662.121 1574.279
combined	80	1228.763	135.1547	1208.86	959.7439 1497.781

diff = mean(Behandelt) - mean(Behandelt) t = -0.8163 degrees of freedom = 78
 Ho: diff = 0
 Ha: diff < 0
 Pr(|T| > |t|) = 0.4168 local PValue = round(r(p), 0.001) Ha: diff > 0
 Pr(T < t) = 0.7916 Pr(T > t) = 0.2084

1687 local PValue = round(r(p), 0.001)

1688 putexcel ('E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1689local Line = 'Line' + 1
1690sleep 100

1691
1692
1693* Vergleich der Zeitpunkte (Mann-Whitney-Test)
1694putexcel ('A'Line') = ("Vergleich Zeitpunkte (Mann-Whitney)");
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved

1695

```

1696putexcel ('B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1697ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
Unbehandelt  20   375      410
Behandelt    20   445      410
combined     40   820      820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties 0.00
adjusted variance 1366.67
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt)
z = -0.4638
Prob > |z| = 0.3438
1698 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1699 putexcel ('C'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1700ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
Unbehandelt  20   259      410
Behandelt    20   561      410
combined     40   820      820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -0.26
adjusted variance 1366.41
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt)
z = -4.085
Prob > |z| = 0.0000
1701 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1702 putexcel ('D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1703ranksum Bak_HefensEinheit if Behandlung == 1 | Behandlung == 2, by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
Unbehandelt  40  1289.5    1620
Behandelt    40  1950.5    1620
combined     80  3240    3240
unadjusted variance 10800.90
adjustment for ties -0.26
adjusted variance 10799.62

```

```

Ho: Bak_He-1(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt)
z = -3.180
Prob > |z| = 0.0015
1704 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1705 putexcel ('E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1706local Line = 'Line' + 1
1707sleep 10
1708
1709putexcel ('B'Line') = ("Unbehandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1710ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
Unbehandelt  20   475      410
Behandelt    20   345      410
combined     40   820      820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties 0.00
adjusted variance 1366.67
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.758
Prob > |z| = 0.0787
1711 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1712 putexcel ('C'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1713ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 1 | Behandlung == 3), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test
  Behandlung  obs  rank sum  expected
Unbehandelt  20   321      410
Behandelt    20   499      410
combined     40   820      820
unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -0.13
adjusted variance 1366.54
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Unbehandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -2.408
Prob > |z| = 0.0161

```

```

1714 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1715 putexcel (D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1716ranksum Bak_HefensEinheit if Behandlung == 1 | Behandlung == 3, by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung    | obs | rank sum | expected |
|---------------|-----|----------|----------|
| Behandelt     | 40  | 1595.5   | 1620     |
| Behandelt (1) | 40  | 1634.5   | 1620     |
| combined      | 80  | 3240     | 3240     |


unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -0.25
adjusted variance 10799.75
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = -0.332
Prob > |z| = 0.7399

1717 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1718 putexcel (E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1719local Line = 'Line' + 1
1720sleep 10

1721
1722putexcel (B'Line') = ("Behandelt vs. Behandelt (1 Woche)")
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1723ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 2 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung    | obs | rank sum | expected |
|---------------|-----|----------|----------|
| Behandelt     | 20  | 492      | 410      |
| Behandelt (1) | 20  | 328      | 410      |
| combined      | 40  | 820      | 820      |


unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties 0.00
adjusted variance 1366.67
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 2.238
Prob > |z| = 0.0265

1724 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)

```

```

1725 putexcel (C'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1726ranksum Bak_HefensEinheit if Art == 1 & (Behandlung == 3 | Behandlung == 2), by(Beha
> ndlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung    | obs | rank sum | expected |
|---------------|-----|----------|----------|
| Behandelt     | 20  | 449.5    | 410      |
| Behandelt (1) | 20  | 370.5    | 410      |
| combined      | 40  | 820      | 820      |


unadjusted variance 1366.67
adjustment for ties -0.26
adjusted variance 1366.41
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 1.069
Prob > |z| = 0.2853

1727 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1728 putexcel (D'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1729ranksum Bak_HefensEinheit if Behandlung == 3 | Behandlung == 2, by(Behandlung)
Two-sample Wilcoxon rank-sum (Mann-Whitney) test


| Behandlung    | obs | rank sum | expected |
|---------------|-----|----------|----------|
| Behandelt     | 40  | 1934.5   | 1620     |
| Behandelt (1) | 40  | 1405.5   | 1620     |
| combined      | 80  | 3240     | 3240     |


unadjusted variance 10800.00
adjustment for ties -0.25
adjusted variance 10799.75
Ho: Bak_He-1(Behand-g==Behandelt) = Bak_He-1(Behand-g==Behandelt (1 Woche))
z = 2.064
Prob > |z| = 0.0390

1730 local PValue = round(normprob(-abs(t(z))))*2, 0.001)
1731 putexcel (E'Line') = ('PValue')
file D:\user\Corina\Auswertung_Artenvergleich_Dioc.xlsx saved
1732local Line = 'Line' + 1
1733sleep 10
1734
1735* Zusammenfassen der Cultivable Units

```

```

1736collapse (mean) Bak_Hefen_Tentakel, by(Art Behandlung)
1737label variable Bak_Hefen_Tentakel "Zellen / Blatt"
1738format %9.1f Bak_Hefen_Tentakel
1739save "D:\user\Corina\Mean_Dioc.dta", replace
1740file D:\user\Corina\Mean_Dioc.dta saved
1741end of do-file

1742do "D:\user\Corina\Korrelation.do"
1743clear
1744
1745* KORRELATION ZWISCHEN PLATTEN UND OBJEKTRÄGERN
1746*
1747use "D:\user\Corina\Mean_Platten.dta", clear
1748merge 1:1 Behandlung Art using "D:\user\Corina\Mean_Dioc.dta" // Mergen mit mikros
1749* Kopierartbestimmung
1750* (label Art1 already defined)
1751* (label Art2 already defined)

```

Result	# of obs.
not matched	0
matched	6

```

1750drop _merge
1751
1752merge m:1 Art using "D:\user\Corina\Tentakelzahl.dta" // Mergen mit Tentakelzahl
1753* (label Art1 already defined)

```

Result	# of obs.
not matched	0
matched	6

```

1753drop _merge
1754label variable Tentakelzahl "Tentakel pro Blatt"
1755
1756generate Zellen_Blatt = Tentakelzahl * Bak_Hefen_Tentakel
1757generate Anteil_kult = (100 * Bak_Hefen_Blatt) / (Tentakelzahl * Bak_Hefen_Tentakel)
1758label variable Anteil_kult "Anteil kultivierbar [%]"
1759format %9.2f Anteil_kult

```

```

1760psppman Bak_Hefen_Blatt Bak_Hefen_mm2 Bak_Hefen_Tentakel, stats(tho obs p)

```

Key
tho
Number of obs
Sig. Level

	Bak_He-t	Bak_He-2	Bak_He-1	
Bak_Hefen__t	1.0000			
		6		
Bak_Hefen__2	0.8857	1.0000		
			6	
Bak_Hefen__1	-0.6000	-0.2571	1.0000	
				6
	0.2080	0.6228		

```

1761label variable Zellen_Blatt "Zellen / Blatt"
1762label variable Bak_Hefen_Tentakel "Zellen / Tentakel"
1763
1764export excel using "D:\user\Corina\Korrelation_Dioc_Platten.xls", firstrow(variables
>) replace
1765file D:\user\Corina\Korrelation_Dioc_Platten.xls saved
1766end of do-file
1767
1768*
1769*
1770log close _all
1771name Auswertung_Cori
1772log D:\user\Corina\Auswertung_Cori.scm1
1773log type smcl
1774closed on: 22 Feb 2022, 19:12:03

```