

7 ANEJO I

7.1 ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE LOS DATOS.

7.1.1 Análisis de una t de Student para el peso según la variedad

- Fecha: 19-6-18

Comparación de medias para el Peso

95,0% confidence interval for mean of Variedad=Clemenules: 1,2763 +/- 0,756932 [0,519368; 2,03323]

95,0% confidence interval for mean of Variedad=Marisol: 4,8717 +/- 1,74652 [3,12518; 6,61822]

95,0% confidence interval for the difference between the means
assuming equal variances: -3,5954 +/- 1,58096 [-5,17636; -2,01444]

t test to compare means

Null hypothesis: mean1 = mean2

Alt. hypothesis: mean1 NE mean2

assuming equal variances: t = -5,2443 P-value = 0,000779206

Reject the null hypothesis for alpha = 0,05.

7.1.2 Análisis de la varianza y separación de medias para el peso por tratamiento

- Fecha: 19-6-18

Análisis de Varianza para el Peso por Tratamiento.

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
Between groups	10,7225	3	3,57416	8,33	0,0007
Within groups	9,43902	22	0,429047		
Total (Corr.)	20,1615	25			

Pruebas de Múltiple Rango para el Peso por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	Mean	Homogeneous Groups
CT	7	0,910113	X
GA	6	1,6808	X
BA	6	1,87167	X
GA+BA	7	2,65146	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - CT	*	0,961552	0,755757
BA - GA		0,190868	0,784286
BA - GA+BA	*	-0,779797	0,755757
CT - GA	*	-0,770684	0,755757
CT - GA+BA	*	-1,74135	0,726108
GA - GA+BA	*	-0,970665	0,755757

* denotes a statistically significant difference.

- Fecha: 28-6-18

Análisis de Varianza para el Peso por Tratamiento.

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
Between groups	16,1537	3	5,38455	5,27	0,0068
Within groups	22,4733	22	1,02152		
Total (Corr.)	38,627	25			

Pruebas de Múltiple Rango para el Peso por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	Mean	Homogeneous Groups
CT	6	1,89247	X
GA	7	3,13014	X
GA+BA	7	3,84979	X
BA	6	3,89667	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - CT	*	2,0042	1,21017
BA - GA		0,766524	1,16615
BA - GA+BA		0,046881	1,16615
CT - GA	*	-1,23768	1,16615
CT - GA+BA	*	-1,95732	1,16615
GA - GA+BA		-0,719643	1,1204

* denotes a statistically significant difference.

7.1.3 Análisis de la varianza y separación de medias para el cuajado

Análisis de Varianza para el Cuajado por Tratamiento.

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
Between groups	2,00034	3	0,666781	11,87	0,0001
Within groups	1,29239	23	0,0561907		
Total (Corr.)	3,29273	26			

Pruebas de Múltiple Rango para el Cuajado por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamientos	Count	Mean	Homogeneous Groups
CT	14	0,42825	X
BA	5	0,85646	X
GA	4	0,99055	X
GA+BA	4	1,05818	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - CT	*	0,42821	0,255476
BA - GA		-0,13409	0,328948
BA - GA+BA		-0,201715	0,328948
CT - GA	*	-0,5623	0,278012
CT - GA+BA	*	-0,629925	0,278012
GA - GA+BA		-0,067625	0,346742

* denotes a statistically significant difference.

7.1.4 Análisis de la varianza y separación de medias para el número de filas de células del pericarpio

- Fecha: 19-6-18

Análisis de Varianza para el Número de filas de células por Tratamiento.

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
Between groups	22941,0	3	7647,0	26,94	0,0000
Within groups	6243,91	22	283,814		
Total (Corr.)	29184,9	25			

Pruebas de Múltiple Rango para el Número de filas de células por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	Mean	Homogeneous Groups
CT	8	141,927	X
GA	5	191,127	X
BA	5	195,198	X
GA+BA	8	215,426	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - CT	*	53,2707	19,9178
BA - GA		4,07106	22,0968
BA - GA+BA	*	-20,2281	19,9178
CT - GA	*	-49,1996	19,9178
CT - GA+BA	*	-73,4988	17,4691
GA - GA+BA	*	-24,2991	19,9178

* denotes a statistically significant difference.

7.1.5 Análisis de la varianza y separación de medias para la longitud de las vesículas

- Fecha: 5-6-18

Análisis de Varianza para la longitud de las vesículas por Tratamiento.

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
Between groups	0,494061	3	0,164687	19,67	0,0000
Within groups	0,20095	24	0,00837292		
Total (Corr.)	0,695011	27			

Pruebas de Múltiple Rango para la longitud de las vesículas por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

TT	Count	Mean	Homogeneous Groups
CT	8	0,35125	X
GA	8	0,36	X
GA+BA	8	0,41375	X
BA	4	0,7475	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - CT	*	0,39625	0,115649
BA - GA	*	0,3875	0,115649
BA - GA+BA	*	0,33375	0,115649
CT - GA		-0,00875	0,0944273
CT - GA+BA		-0,0625	0,0944273
GA - GA+BA		-0,05375	0,0944273

* denotes a statistically significant difference.

- **Fecha: 19-6-18**

Análisis de Varianza para la longitud de las vesículas por Tratamiento.

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
Between groups	5,13638	3	1,71213	40,95	0,0000
Within groups	1,04536	25	0,0418144		
Total (Corr.)	6,18174	28			

Pruebas de Múltiple Rango para la longitud de las vesículas por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	Mean	Homogeneous Groups
CT	9	0,596667	x
GA	5	1,078	x
BA	5	1,546	x
GA+BA	10	1,548	x

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - CT	*	0,949333	0,234905
BA - GA	*	0,468	0,266357
BA - GA+BA		-0,002	0,230672
CT - GA	*	-0,481333	0,234905
CT - GA+BA	*	-0,951333	0,193504
GA - GA+BA	*	-0,47	0,230672

* denotes a statistically significant difference.

7.1.6 Análisis de la varianza y separación de medias para la expresión de CYCB2

Análisis de Varianza para la expresión de CYCB2 – Suma de Cuadrados Tipo III

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
MAIN EFFECTS					
A:Tratamiento	0,534067	2	0,267033	3,50	0,0983
B:Fecha	0,242042	3	0,0806806	1,06	0,4337
RESIDUAL	0,457633	6	0,0762722		
TOTAL (CORRECTED)	1,23374	11			

All F-ratios are based on the residual mean square error.

Pruebas de Múltiple Rango para la expresión de CYCB2 por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	LS Mean	LS Sigma	Homogeneous Groups
BA	4	0,5525	0,138087	x
GA	4	0,5575	0,138087	x
Control	4	1,0025	0,138087	x

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - Control		-0,45	0,477846
BA - GA		-0,005	0,477846
Control - GA		0,445	0,477846

* denotes a statistically significant difference.

7.1.7 Análisis de la varianza y separación de medias para la expresión de CYCA2-1

Análisis de Varianza para la expresión de CYCA2-1 – Suma de Cuadrados Tipo III

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
MAIN EFFECTS					
A:Tratamiento	0,186067	2	0,0930333	1,74	0,2531
B:Fecha	0,264917	3	0,0883056	1,65	0,2743
RESIDUAL	0,320333	6	0,0533889		
TOTAL (CORRECTED)	0,771317	11			

All F-ratios are based on the residual mean square error.

Pruebas de Múltiple Rango para la expresión de CYCA2-1 por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	LS Mean	LS Sigma	Homogeneous Groups
BA	4	0,65	0,11553	X
GA	4	0,8	0,11553	X
Control	4	0,955	0,11553	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - Control		-0,305	0,399788
BA - GA		-0,15	0,399788
Control - GA		0,155	0,399788

* denotes a statistically significant difference.

7.1.8 Análisis de la varianza y separación de medias para la expresión de CYCA1-1

Análisis de Varianza para la expresión de CYCA1-1 – Suma de Cuadrados Tipo III

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
MAIN EFFECTS					
A:Tratamiento	0,89435	2	0,447175	1,07	0,3998
B:Fecha	8,65957	3	2,88652	6,92	0,0225
RESIDUAL	2,50208	6	0,417014		
TOTAL (CORRECTED)	12,056	11			

All F-ratios are based on the residual mean square error.

Pruebas de Múltiple Rango para la expresión de CYCA1-1 por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	LS Mean	LS Sigma	Homogeneous Groups
BA	4	1,87125	0,322883	X
Control	4	1,92125	0,322883	X
GA	4	2,47375	0,322883	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - Control		-0,05	1,11733
BA - GA		-0,6025	1,11733
Control - GA		-0,5525	1,11733

* denotes a statistically significant difference.

7.1.9 Análisis de la varianza y separación de medias para la expresión de CYCD6

Análisis de Varianza para la expresión de CYCD6 – Suma de Cuadrados Tipo III

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
MAIN EFFECTS					
A:Tratamiento	0,23415	2	0,117075	5,42	0,0452
B:Fecha	0,251823	3	0,083941	3,89	0,0740
RESIDUAL	0,129583	6	0,0215972		
TOTAL (CORRECTED)	0,615556	11			

All F-ratios are based on the residual mean square error.

Pruebas de Múltiple Rango para la expresión de CYCD6 por Tratamiento.

Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	LS Mean	LS Sigma	Homogeneous Groups
Control	4	0,13375	0,07348	X
GA	4	0,42625	0,07348	X
BA	4	0,43375	0,07348	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - Control	*	0,3	0,254275
BA - GA		0,0075	0,254275
Control - GA	*	-0,2925	0,254275

* denotes a statistically significant difference.

7.1.10 Análisis de la varianza y separación de medias para la expresión de CDKB2

Análisis de Varianza para la expresión de CDKB2 – Suma de Cuadrados Tipo III

Source	Sum of Squares	Df	Mean Square	F-Ratio	P-Value
MAIN EFFECTS					
A:Tratamiento	1,23312	2	0,616558	18,57	0,0027
B:Fecha	0,142542	3	0,0475139	1,43	0,3234
RESIDUAL	0,199183	6	0,0331972		
TOTAL (CORRECTED)	1,57484	11			

All F-ratios are based on the residual mean square error.

Pruebas de Múltiple Rango para la expresión de CDKB2 por Tratamiento.

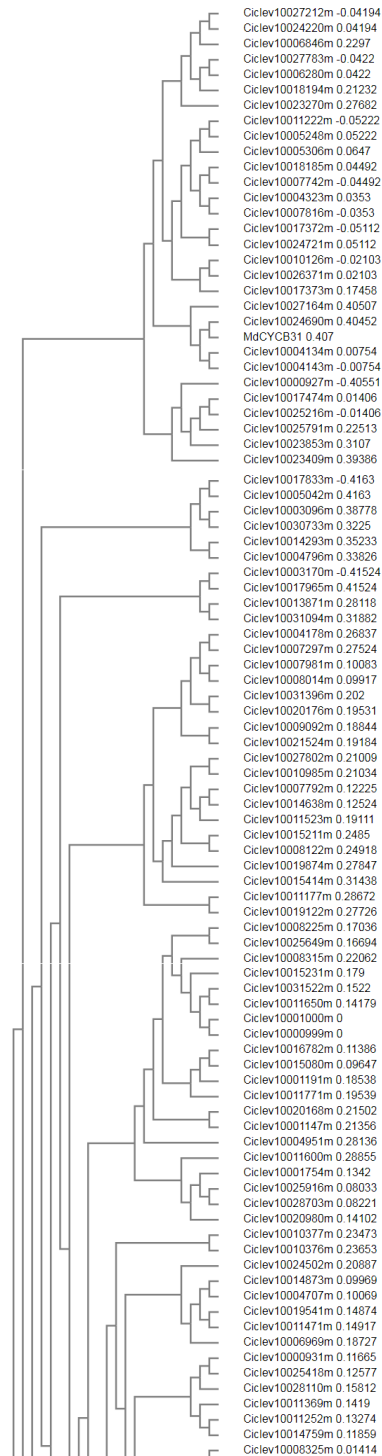
Method: 95,0 percent LSD

Tratamiento	Count	LS Mean	LS Sigma	Homogeneous Groups
Control	4	0,3425	0,0911005	X
GA	4	1,02	0,0911005	X
BA	4	1,025	0,0911005	X

Contrast	Sig.	Difference	+/- Limits
BA - Control	*	0,6825	0,31525
BA - GA		0,005	0,31525
Control - GA	*	-0,6775	0,31525

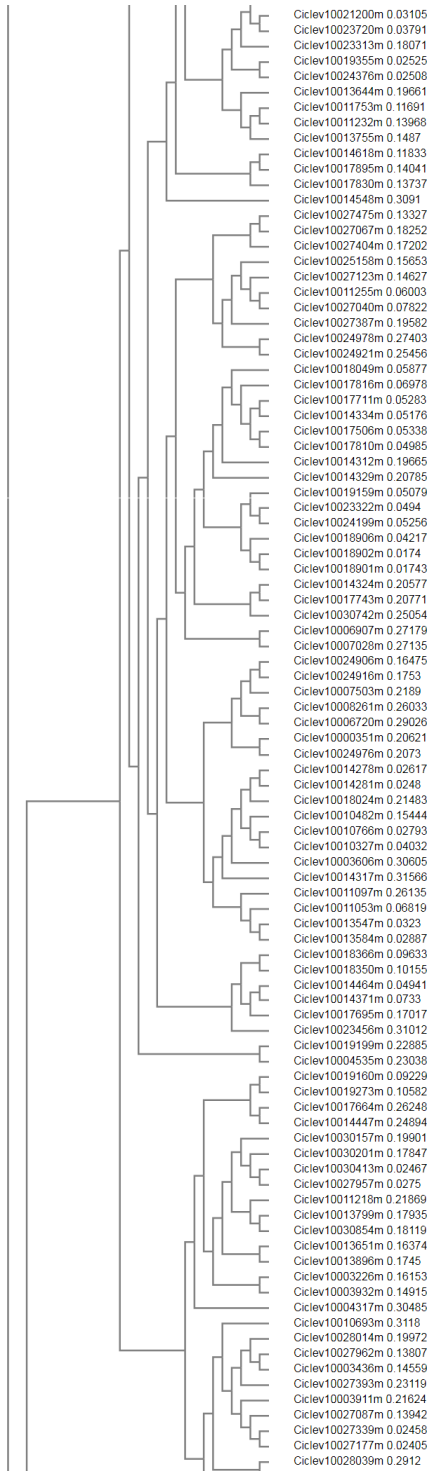
* denotes a statistically significant difference.

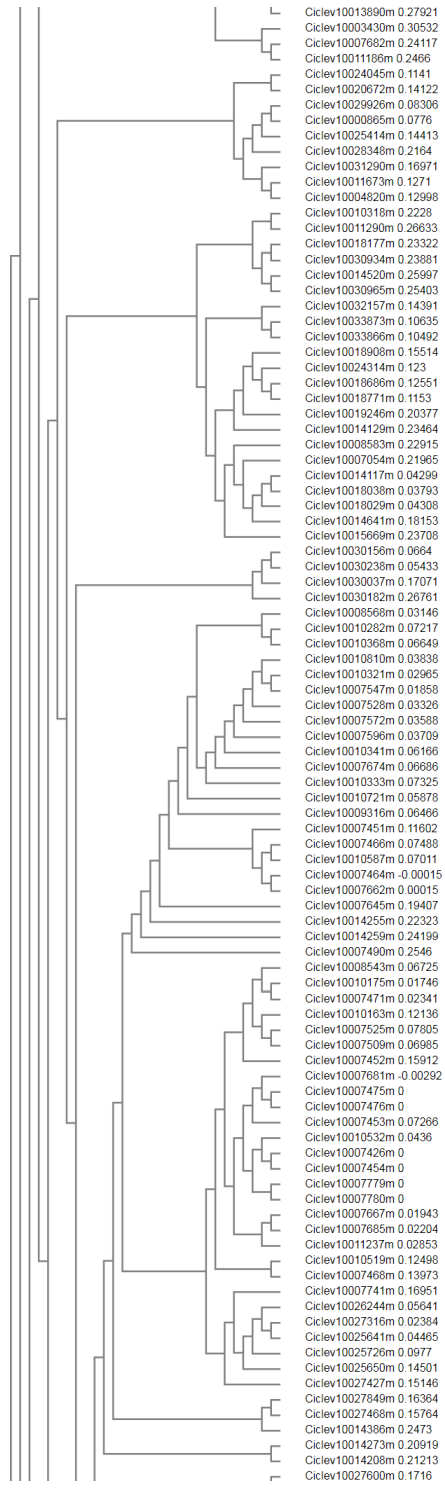
7.2 ÁRBOL FILOGENÉTICO EN *C.clementina*.

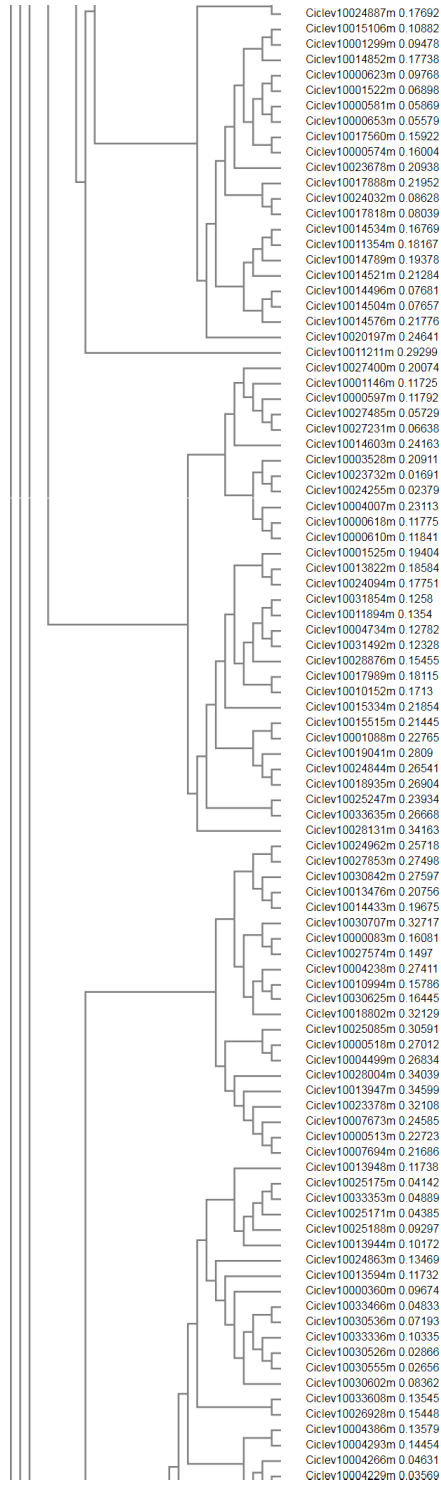


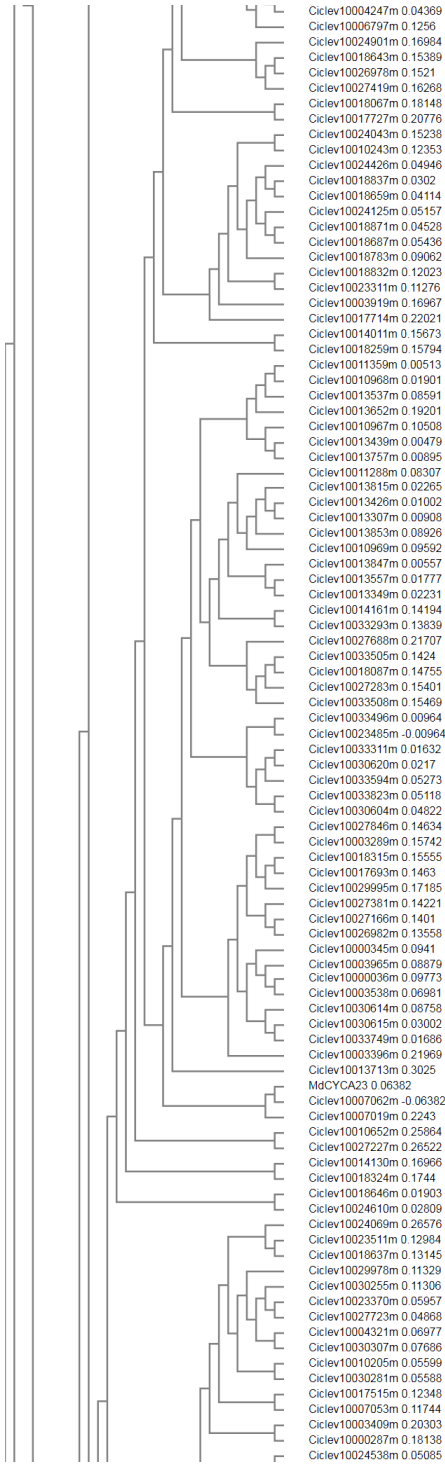


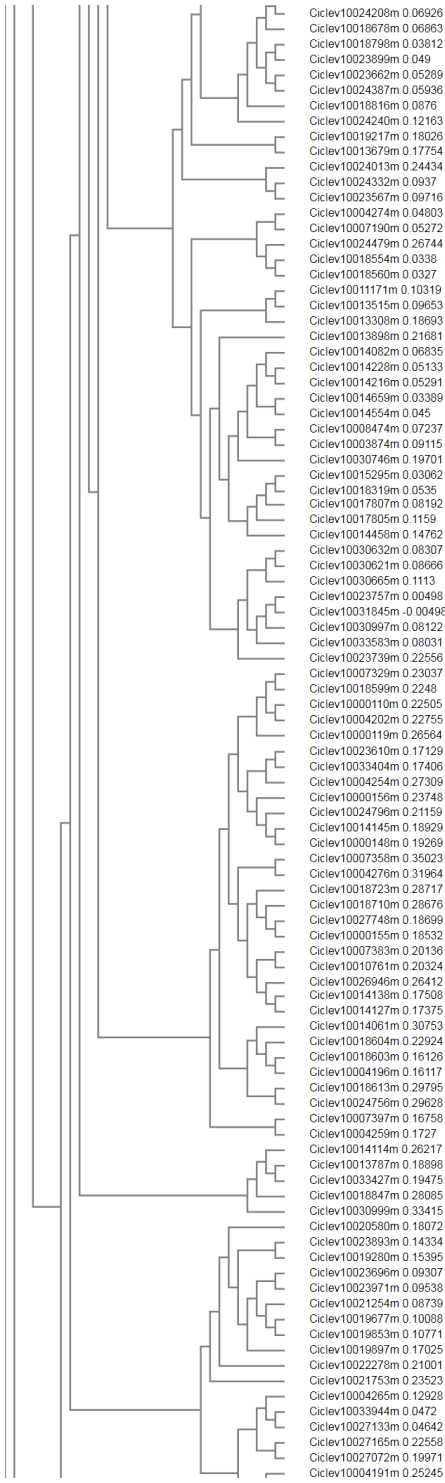


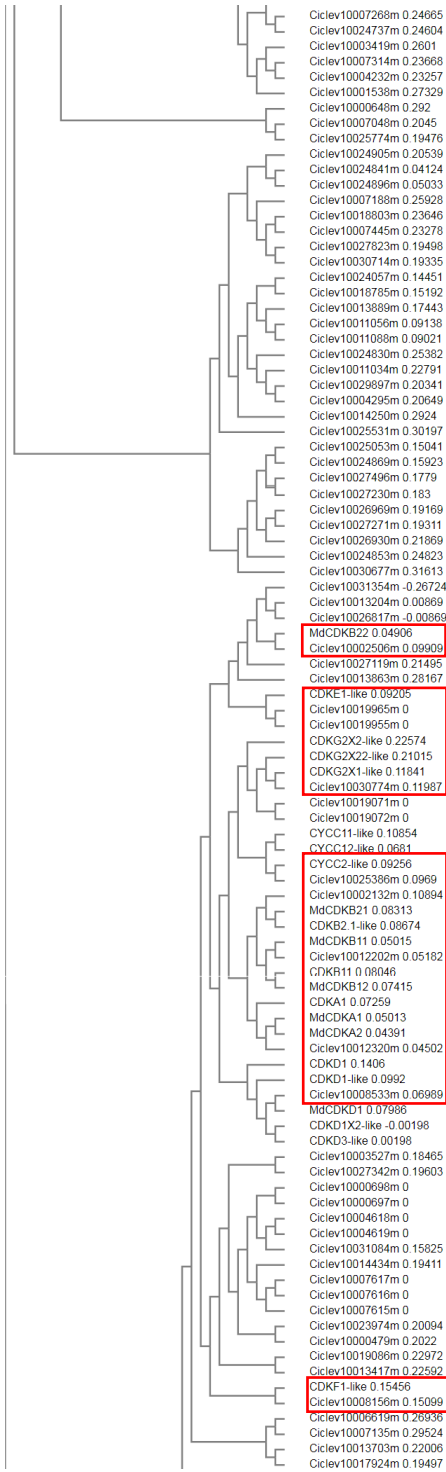


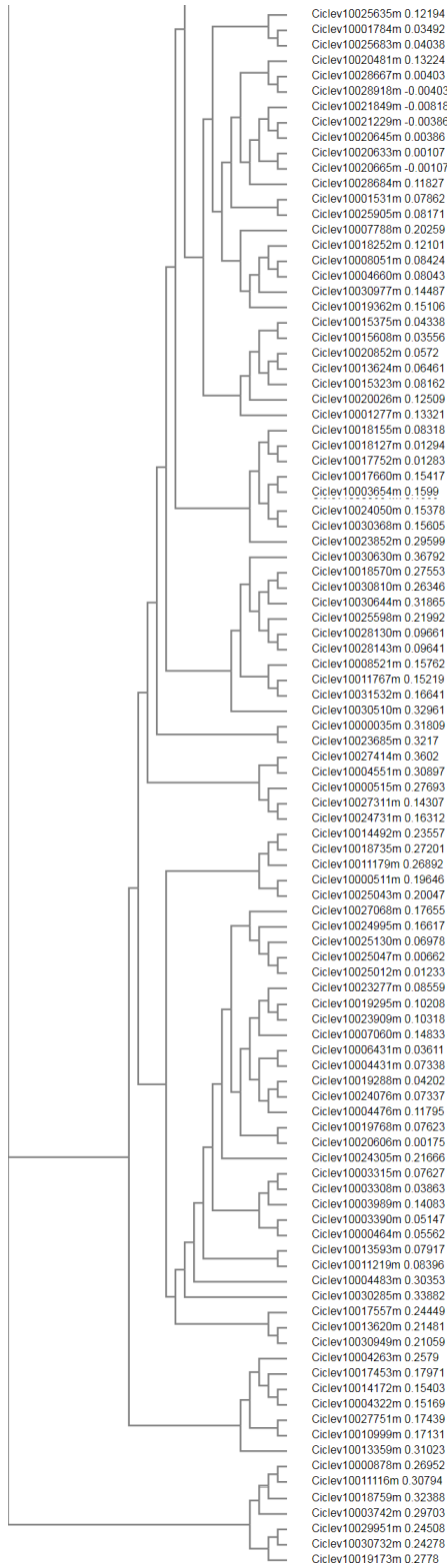












Las secuencias seleccionadas para el estudio son las siguientes:

Código EST	Gen A. thaliana	QC (%) A. thaliana	Gen M.domestica	QC (%) M. domestica
<u>Ciclev10025564m*</u>	CYCB2	97	CYCB2/G2-mitotic specific cyclin 2	98/98
Ciclev10001235m	CYCB2-4	97	G2-mitotic specific cyclin 2	98
Ciclev10015514m	CYCB1-4	97	G2-mitotic specific cyclin S13-7	95
Ciclev10011642m	CYCB1-2/3	97	-	-
Ciclev10028641m	CYCA3-1	96	CYCA3-1	97
Ciclev10025498m	CYCA2-4	99	CYCA2-2	98
<u>Ciclev10008128m*</u>	CYCA2-1	99	CYCA2-2	97
<u>Ciclev10003984m*</u>	CYCA1-1	99	CYCA1-1	99
Ciclev10032080m	CYCD1-1	99	CYCD1-1	99
Ciclev10025924m	-	-	CYCD4-1	96
Ciclev10001581m	-	-	CYCD2-1/4-1	99/99
Ciclev10001416m	-	-	CYCD3-1/3-2	92/97
Ciclev10028675m	CYCD3-2	96	CYCD3-1/3-2	99/95
Ciclev10025890m	CYCD3-2	94	CYCD3-2	96
Ciclev10026166m	CYCD1-1 (AI)	94	CYCD4-1	72
Ciclev10028735m	-	-	CYCD4-1	98
Ciclev10028938m	CYCD5-1	98	CYCD5-1	98
Ciclev10001544m	CYCA3-4	99	CYCD3-1	99
Ciclev10028938m	CYCB2	98	CYCB2	99
Ciclev10015968m*	CYCD6	94	CYCD6-1	99
Ciclev10002506m*	CDKB2	97	CDKB2-2	97
Ciclev10019965m	CDKE-1	95	CDKE-1	89
Ciclev10019955m	CDKE-1	95	CDKC-1	89
Ciclev10030774m	CDKG-2	99	CDKG-2	99
Ciclev10025386m	CDKC1	99	CDKC2	99
Ciclev10002132m	CDKB2	98	CDKB2-2	98
Ciclev10012202m	CDKB1-2	99	Cell division control protein 2	99
Ciclev10012320m	CDC protein 2	99	CDC protein 2	99
Ciclev10008533m	CDKD1-3/1-1	97/97	CDKD3	99
Ciclev10008156m	CDK activating kinase 1AT	99	CDKF-1	98

* Códigos EST seleccionados para el estudio de la expresión de genes.