

## 7. ANEJO I

### 7.1. ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE LOS DATOS.

#### 7.1.1. Análisis de la Varianza y separación de medias para el peso.

##### Análisis de Varianza para el Peso – Suma de Cuadrados Tipo III

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>ValorP</i>
EFFECTOS PRINCIPALES					
A:Fecha	0,339986	5	0,0679973	4417,80	0,0000
B:Tratamiento	0,0852724	3	0,0284241	1846,72	0,0000
INTERACCIONES					
AB	0,183519	15	0,0122346	794,88	0,0000
RESIDUOS	0,0003694	24	0,0000153917		
TOTAL (CORREGIDO)	0,609147	47			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual.

##### Pruebas de Múltiple Rango para el Peso por Tratamiento.

Método: 95,0 porcentaje Estudio-Newman-Keuls

<i>Tratamiento</i>	<i>Casos</i>	<i>Media LS</i>	<i>Sigma LS</i>	<i>Grupos homogéneos</i>
4	12	0,0401333	0,00113254	X
1	12	0,0703917	0,00113254	X
3	12	0,0957333	0,00113254	X
2	12	0,154825	0,00113254	X

#### 7.1.2. Análisis de la Varianza y separación de medias para la Anchura del Mesocarpo.

##### Análisis de Varianza para la Anchura del Mesocarpo – Suma de Cuadrados Tipo III

<i>Fuente</i>	<i>Suma de cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
EFFECTOS PRINCIPALES					
A:Fecha	11,5466	5	2,30933	405,13	0,0000
B:Tratamiento	4,56017	3	1,52006	266,66	0,0000
INTERACCIONES					
AB	8,76846	15	0,584564	102,55	0,0000
RESIDUOS	0,273613	48	0,00570027		
TOTAL (CORREGIDO)	25,1489	71			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

**Pruebas de Múltiple Rango para la Anchura del Mesocarpo por Tratamiento**

Método: 95,0 porcentaje Estudio-Newman-Keuls

Tratamiento	Casos	Media LS	Sigma LS	Grupos homogéneos
4	18	0,767672	0,0177955	X
3	18	1,06943	0,0177955	X
1	18	1,09014	0,0177955	X
2	18	1,47666	0,0177955	X

**7.1.3. Análisis de la Varianza y separación de medias para el Número de filas de células del Mesocarpo.**

**Análisis de Varianza para el Número de filas de células del Mesocarpo – Suma de Cuadrados Tipo III**

Fuente	Suma de Cuadrados	Gl	Cuadrado medio	Razón-F	Valor-P
EFFECTOS PRINCIPALES					
A:Fecha	27828,1	5	5565,61	1559,24	0,0000
B:Tratamiento	11951,9	3	3983,98	1116,13	0,0000
INTERACCIONES					
AB	12590,3	15	839,355	235,15	0,0000
RESIDUOS	171,333	48	3,56944		
TOTAL (CORREGIDO)	52541,7	71			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

**Pruebas de Múltiple Rango para el Número de filas de células del Mesocarpo.**

Método: 95,0 porcentaje Estudio-Newman-Keuls

Tratamiento	Casos	Media LS	Sigma LS	Grupos Homólogos
4	18	28,0556	0,445312	X
3	18	40,8333	0,445312	X
1	18	44,3889	0,445312	X
2	18	64,0	0,445312	X

### 7.1.4. Regresión simple entre CYCA y Número de Filas de células del Mesocarpo.

Variable dependiente: CYCA

Variable independiente: Número de Filas de células del Mesocarpo

Doble cuadrado:  $Y = \sqrt{a + b \cdot X^2}$

#### Coefficientes

	Mínimos cuadrados	Estándar	T	
Parámetros	Estimación	Error	Estadística	Valor-P
Interceptar	0,151106	0,0329402	4,58729	0,0006
Pendiente	0,0000179904	0,00000602203	2,98744	0,0113

#### Análisis de Varianza

Fuente	Suma de cuadrados	GL	Cuadrado medio	Razón-F	Valor-P
Modelo	0,0878942	1	0,0878942	8,92	0,0113
Residuos	0,11818	12	0,00984834		
Total (Corregido)	0,206074	13			

Coefficiente de correlación = 0,653083

R-cuadrado = 42,6517 porcentaje

R-cuadrado (ajustado por GL.) = 37,8727 porcentaje

Error estándar de Est. = 0,0992388

Error absolute medio = 0,0767301

Estadística Durbin-Watson = 2,12562 (P=0,6019)

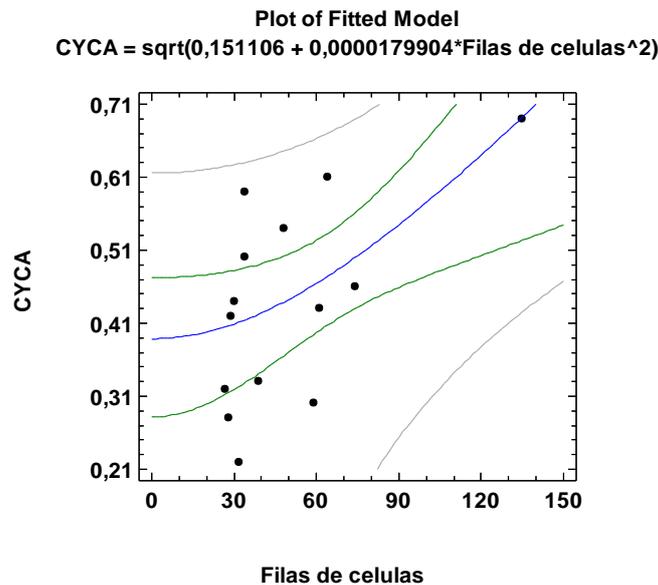
Lag 1 autocorrelación residual = -0,120498

#### El StatAdvisor

El resultado muestra los resultados de ajustar un modelo de doble cuadrado para describir la relación entre CYCA y Filas de células. La ecuación del modelo ajustado es

$$CYCA = \sqrt{0,151106 + 0,0000179904 \cdot \text{Filas de células}^2}$$

Dado que el valor P en la tabla ANOVA es inferior a 0,05, existe una relación estadísticamente significativa entre CYCA y Filas de células con un nivel de confianza del 95,0%.



### 7.1.5. Regresión simple entre CDKD y Número de Filas de células del Mesocarpo.

Variable dependiente: CDKD

Variable independiente: Número de Filas de células en el Mesocarpo.

Cuadrado doble:  $Y = \sqrt{a + b \cdot X^2}$

#### Coefficientes

	Mínimos cuadrados	Estándar	T	
Parámetros	Estimación	Error	Estadística	Valor-P
Interceptar	0,734778	0,169902	4,3247	0,0010
Pendiente	0,000081266	0,0000310611	2,61633	0,0225

#### Análisis de Varianza

Fuente	Suma de cuadrados	Gl	Cuadrado medio	Razón-F	Valor-P
Modelo	1,79347	1	1,79347	6,85	0,0225
Residuos	3,14407	12	0,262006		
Total (Corregido)	4,93755	13			

Coefficiente de correlación = 0,602687

R-cuadrado = 36,3232 percent

R-cuadrado (ajustado por Gl.) = 31,0168 porcentaje

Error estándar de Est. = 0,511865

Error absolute medio = 0,3669

Estadística Durbin-Watson = 2,3503 (P=0,7564)

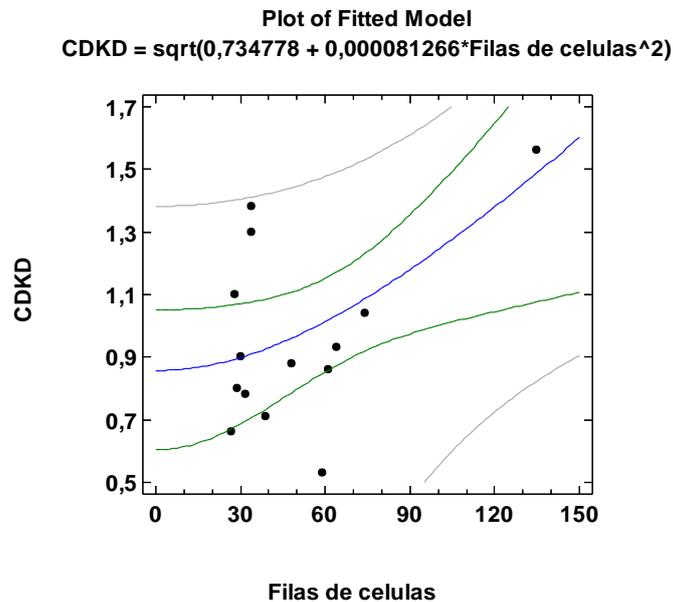
Lag 1 autocorrelación residual = -0,32005

#### El StatAdvisor

El resultado muestra los resultados de ajustar un modelo de doble cuadrado para describir la relación entre CDKD y Filas de células. La ecuación del modelo ajustado es

$$CDKD = \sqrt{0,734778 + 0,000081266 \cdot \text{Filas de células}^2}$$

Dado que el valor P en la tabla ANOVA es inferior a 0,05, existe una relación estadísticamente significativa entre CDKD y Filas de células en el nivel de confianza del 95,0%.



### 7.1.6. Regresión simple entre CDKB y Número de Filas de células del Mesocarpo.

Variable dependiente: CDKB

Variable independiente: Número de Filas de células de Mesocarpo

Modelo doble recíproco:  $Y = 1/(a + b/X)$

#### Coefficientes

	Mínimos cuadrados	Estándar	T	
Parámetros	Estimación	Error	Estadística	Valor-P
Interceptar	5,03934	1,37575	3,66297	0,0032
Pendiente	-87,4815	52,0431	-1,68094	0,1186

#### Análisis de Varianza

Fuente	Suma de cuadrados	Gl	Cuadrado medio	Razón-F	Valor-P
Modelo	9,04886	1	9,04886	2,83	0,1186
Residuos	38,4299	12	3,20249		
Total (Corregido)	47,4787	13			

Coefficiente de correlación = -0,436563

R-cuadrado = 19,0588 percent

R-cuadrado (ajustado por Gl.) = 12,3137 porcentaje

Error estándar de Est. = 1,78955

Media error absoluto = 1,49528

Estadística Durbin-Watson = 0,803196 (P=0,0056)

Lag 1 autocorrelación residual = 0,553727

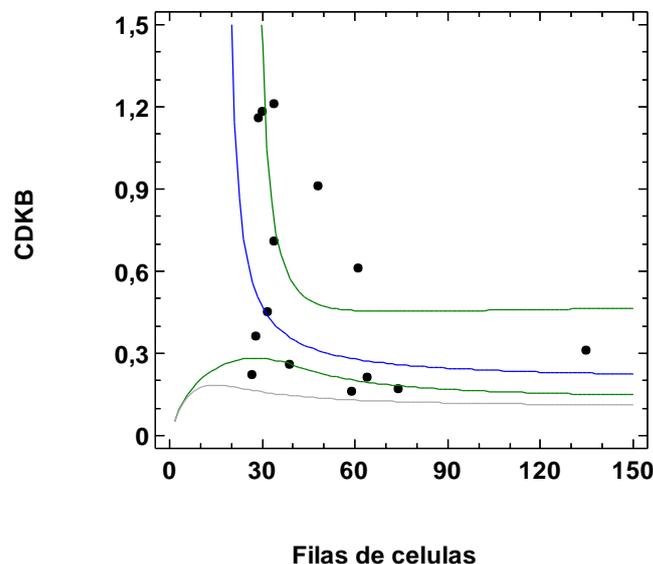
#### El StatAdvisor

El resultado muestra los resultados de ajustar un modelo recíproco doble para describir la relación entre CDKB y Filas de células. La ecuación del modelo ajustado es

$$CDKB = 1/(5,03934 - 87,4815/Filas\ de\ células)$$

Dado que el valor P en la tabla ANOVA es mayor o igual a 0,05, no hay una relación estadísticamente significativa entre CDKB y Filas de células en el nivel de confianza del 95,0% o superior.

Plot of Fitted Model  
 $CDKB = 1/(5,03934 - 87,4815/Filas\ de\ células)$



### 7.1.7. Regresión simple entre CDKA y Número de Filas de células del Mesocarpo.

Variable dependiente: CDKA

Variable independiente: Número de Filas de células en el Mesocarpo

Modelo doble recíproco:  $Y = 1/(a + b/X)$

#### Coefficientes

	Mínimos cuadrados	Estándar	T	
Parámetros	Estimación	Error	Estadística	Valor-P
Interceptar	1,61156	0,349713	4,60823	0,0006
Pendiente	-11,3644	13,2292	-0,859039	0,4072

#### Análisis de Varianza

Fuente	Suma de cuadrados	GL	Cuadrado	F-Ratio	P-Value
Modelo	0,152707	1	0,152707	0,74	0,4072
Residuos	2,48321	12	0,206934		
Total (Corregido)	2,63592	13			

Coefficiente de correlación = -0,240693

R-cuadrado = 5,7933 porcentaje

R-cuadrado (ajustado por Gl.) = -2,05726 porcentaje

Error estándar de Est. = 0,4549

Mean absolute error = 0,363981

Estadística Durbin-Watson = 1,85755 (P=0,3825)

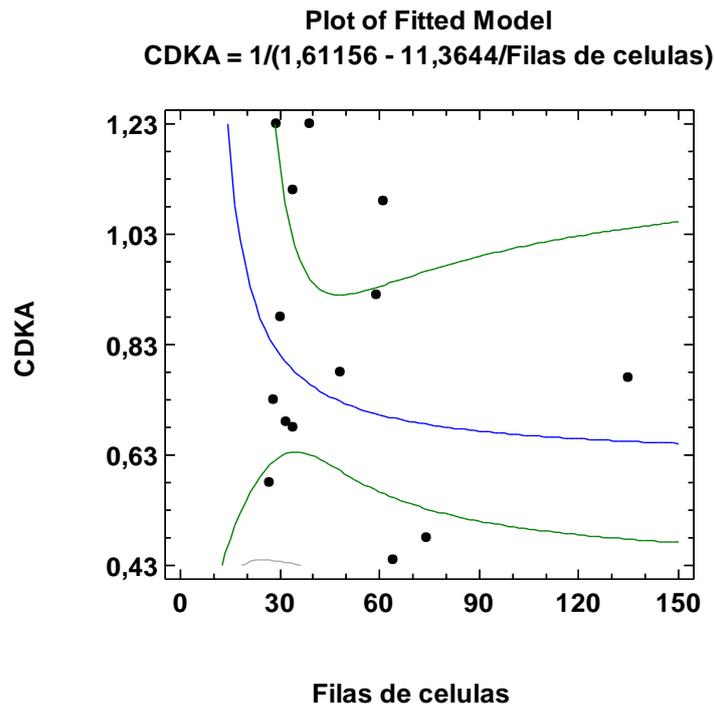
Lag 1 autocorrelación residual = 0,0582741

#### El StatAdvisor

El resultado muestra los resultados de ajustar un modelo recíproco doble para describir la relación entre CDKA y Filas de células. La ecuación del modelo ajustado es

$$CDKA = 1/(1,61156 - 11,3644/\text{Filas de células})$$

Dado que el valor P en la tabla ANOVA es mayor o igual a 0,05, no hay una relación estadísticamente significativa entre CDKA y Filas de células en el nivel de confianza del 95,0% o superior.



### 7.3. Árbol Filogenético en *C.clementina*. La ESTs seleccionadas para el estudio de la expresión de los genes son

