

Desarrollo de líneas de cacao (*Theobroma cacao* L.) editadas genéticamente que limiten la acumulación de cadmio en sus tejidos: FASE-I

Jose Ángel Rodríguez Bolaño^a, Neyder Alejandro Marín Vélez^a, Diego Fernando Villanueva-Mejía^b

^aPregrado en Biología, Departamento de Ciencias Biológicas, Escuela de Ciencias, Universidad EAFIT, Medellín, Colombia.

^bDepartamento de Ciencias Biológicas, Escuela de Ciencias, Universidad EAFIT, Medellín, Colombia.

ANOVA de un solo factor: Intrafamilias para FPAC de *Arabidopsis thaliana* Método

Hipótesis nula Todas las medias son iguales
Hipótesis alterna No todas las medias son iguales
Nivel de significancia $\alpha = 0,05$
Se presupuso igualdad de varianzas para el análisis.

Análisis de Varianza AtNRAMP

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	5	2134,70	426,940	1803,40	0,000
Error	372	88,07	0,237		
Total	377	2222,77			

Resumen del modelo

S	R-cuad.	R-cuad. (ajustado)	R-cuad. (pred)
0,486562	96,04%	95,98%	95,91%

Medias

Factor	N	Media	Desv.Est.	IC de 95%
AtNramp1	63	14,5140	0,6685	(14,3934. 14,6345)
AtNramp2	63	11,3710	0,3550	(11,2504. 11,4915)
AtNramp3	63	11,4568	0,5498	(11,3363. 11,5774)
AtNramp4	63	12,5602	0,3260	(12,4396. 12,6807)
AtNramp5	63	7,9754	0,4386	(7,8549. 8,0959)
AtNramp6	63	7,8990	0,4966	(7,7785. 8,0196)

Desv.Est. agrupada = 0,486562

Comparaciones en parejas de Fisher

Agrupar información utilizando el método LSD de Fisher y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación			
AtNramp1	63	14,5140	A			
AtNramp4	63	12,5602		B		

AtNramp3	63	11,4568			C	
AtNramp2	63	11,3710			C	
AtNramp5	63	7,9754				D
AtNramp6	63	7,8990				D

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

Análisis de Varianza AtZIP

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	13	2505	192,726	148,33	0,000
Error	868	1128	1,299		
Total	881	3633			

Resumen del modelo

S	R-cuad.	R-cuad. (ajustado)	R-cuad. (pred)
1,13988	68,96%	68,49%	67,95%

Medias

Factor	N	Media	Desv.Est.	IC de 95%
AtIRT1	63	11,054	2,635	(10,772. 11,336)
AtIRT2	63	9,497	1,389	(9,215. 9,779)
AtIRT3	63	12,971	0,879	(12,689. 13,253)
AtZIP1	63	10,6163	0,7366	(10,3345. 10,8982)
AtZIP2	63	13,320	1,629	(13,038. 13,602)
AtZIP3	63	12,510	1,282	(12,229. 12,792)
AtZIP4	63	10,377	0,858	(10,095. 10,659)
AtZIP5	63	10,158	1,046	(9,876. 10,440)
AtZIP6	63	10,6184	0,5894	(10,3365. 10,9003)
AtZIP7	63	7,9311	0,4786	(7,6492. 8,2130)
AtZIP9	63	8,7276	0,7166	(8,4458. 9,0095)
AtZIP10	63	7,9798	0,5590	(7,6980. 8,2617)
AtZIP11	63	10,2879	0,4954	(10,0061. 10,5698)
AtZIP12	63	8,3702	0,4757	(8,0883. 8,6520)

Desv.Est. agrupada = 1,13988

Comparaciones en parejas de Fisher

Agrupar información utilizando el método LSD de Fisher y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación
--------	---	-------	------------

AtZIP2	63	13,320	A								
AtIRT3	63	12,971	A								
AtZIP3	63	12,510		B							
AtIRT1	63	11,054			C						
AtZIP6	63	10,6184				D					
AtZIP1	63	10,6163				D					
AtZIP4	63	10,377				D	E				
AtZIP11	63	10,2879				D	E				
AtZIP5	63	10,158					E				
AtIRT2	63	9,497						F			
AtZIP9	63	8,7276							G		
AtZIP12	63	8,3702							G	H	
AtZIP10	63	7,9798								H	I
AtZIP7	63	7,9311									I

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

Análisis de Varianza AtHMA

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	6	1352,4	225,397	672,29	0,000
Error	434	145,5	0,335		
Total	440	1497,9			

Resumen del modelo

S	R-cuad.	R-cuad. (ajustado)	R-cuad. (pred)
0,579025	90,29%	90,15%	89,97%

Medias

Factor	N	Media	Desv.Est.	IC de 95%
AtHMA1	63	11,0884	0,2945	(10,9450. 11,2318)
AtHMA2	63	9,117	0,940	(8,973. 9,260)
AtHMA3	63	8,8735	0,6493	(8,7301. 9,0169)
AtHMA4	63	13,2037	0,5769	(13,0603. 13,3470)
AtHMA5	63	11,9189	0,5586	(11,7755. 12,0623)
AtHMA6(PAA1)	63	10,3046	0,4316	(10,1612. 10,4480)
AtHMA7	63	13,7243	0,3530	(13,5809. 13,8677)

Desv.Est. agrupada = 0,579025

Comparaciones en parejas de Fisher

Agrupar información utilizando el método LSD de Fisher y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación					
AtHMA7	63	13,7243	A					
AtHMA4	63	13,2037		B				
AtHMA5	63	11,9189			C			
AtHMA1	63	11,0884				D		
AtHMA6(PAA1)	63	10,3046					E	
AtHMA2	63	9,117						F
AtHMA3	63	8,8735						G

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

Análisis de Varianza AtCDF

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	11	2345,1	213,190	538,31	0,000
Error	744	294,6	0,396		
Total	755	2639,7			

Resumen del modelo

S	R-cuad.	R-cuad. (ajustado)	R-cuad. (pred)
0,629312	88,84%	88,67%	88,47%

Medias

Factor	N	Media	Desv.Est.	IC de 95%
AtMTP1	63	13,4592	0,3448	(13,3036. 13,6149)
AtMTPA1	63	7,2175	0,3726	(7,0618. 7,3731)
AtMTPA2	63	11,444	1,263	(11,289. 11,600)
AtMTPB	63	8,0013	0,2484	(7,8456. 8,1569)
AtMTPC1	63	10,7619	0,4321	(10,6063. 10,9176)
AtMTPC2	63	11,4898	0,3664	(11,3342. 11,6455)
AtMTPC3	63	8,306	0,956	(8,150. 8,462)
AtMTPC4	63	10,2983	0,3574	(10,1426. 10,4539)
AtMTP9	63	10,4527	0,6032	(10,2970. 10,6083)
AtMTP10	63	11,0562	0,6428	(10,9005. 11,2118)
AtMTP11	63	12,5116	0,7031	(12,3559. 12,6672)
AtMTP12	63	9,8649	0,4527	(9,7093. 10,0206)

Desv.Est. agrupada = 0,629312

Comparaciones en parejas de Fisher

Agrupar información utilizando el método LSD de Fisher y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación									
AtMTP1	63	13,4592	A									
AtMTP11	63	12,5116		B								
AtMTPC2	63	11,4898			C							
AtMTPA2	63	11,444			C							
AtMTP10	63	11,0562				D						
AtMTPC1	63	10,7619					E					
AtMTP9	63	10,4527						F				
AtMTPC4	63	10,2983						F				
AtMTP12	63	9,8649							G			
AtMTPC3	63	8,306								H		
AtMTPB	63	8,0013									I	
AtMTPA1	63	7,2175										J

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

Análisis de Varianza AtOPT

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	8	1121,9	140,236	331,04	0,000
Error	558	236,4	0,424		
Total	566	1358,3			

Resumen del modelo

S	R-cuad.	R-cuad. (ajustado)	R-cuad. (pred)
0,650866	82,60%	82,35%	82,03%

Medias

Factor	N	Media	Desv.Est.	IC de 95%
AtOPT1	63	8,5703	0,7819	(8,4092. 8,7314)
AtOPT2	63	7,7340	0,6942	(7,5729. 7,8950)
AtOPT3	63	10,500	0,821	(10,339. 10,661)
AtOPT4	63	11,714	0,859	(11,553. 11,876)
AtOPT5	63	8,4071	0,3341	(8,2461. 8,5682)
AtOPT6	63	9,6360	0,6216	(9,4750. 9,7971)
AtOPT7	63	10,4857	0,7011	(10,3246. 10,6468)
AtOPT8	63	7,5189	0,4288	(7,3578. 7,6800)
AtOPT9	63	7,7957	0,3656	(7,6346. 7,9568)

Desv.Est. agrupada = 0,650866

Comparaciones en parejas de Fisher

Agrupar información utilizando el método LSD de Fisher y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación				
AtOPT4	63	11,714	A				
AtOPT3	63	10,500		B			
AtOPT7	63	10,4857		B			
AtOPT6	63	9,6360			C		
AtOPT1	63	8,5703				D	
AtOPT5	63	8,4071				D	
AtOPT9	63	7,7957					E
AtOPT2	63	7,7340					E F
AtOPT8	63	7,5189					F

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.

Análisis de Varianza AtCOPT

Fuente	GL	SC Ajust.	MC Ajust.	Valor F	Valor p
Factor	3	1172,4	390,817	330,35	0,000
Error	248	293,4	1,183		
Total	251	1465,8			

Resumen del modelo

S	R-cuad.	R-cuad. (ajustado)	R-cuad. (pred)
1,08767	79,98%	79,74%	79,33%

Medias

Factor	N	Media	Desv.Est.	IC de 95%
AtCOPT1	63	10,8383	0,6941	(10,5684. 11,1082)
AtCOPT2	63	11,543	1,990	(11,273. 11,813)
AtCOPT3	63	8,4279	0,4507	(8,1580. 8,6978)
AtCOPT5	63	14,4767	0,2975	(14,2068. 14,7466)

Desv.Est. agrupada = 1,08767

Comparaciones en parejas de Fisher

Agrupar información utilizando el método LSD de Fisher y una confianza de 95%

Factor	N	Media	Agrupación			
AtCOPT5	63	14,4767	A			

AtCOPT2	63	11,543		B		
AtCOPT1	63	10,8383			C	
AtCOPT3	63	8,4279				D

Las medias que no comparten una letra son significativamente diferentes.