



*Universidad de Cienfuegos "Carlos Rafael Rodríguez"
Facultad de Ciencias Económicas y Empresariales
Maestría en Matemática Aplicada*

Título:

*Proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de
rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.*

Tesis presentada en opción al título académico de Máster en Matemática Aplicada

Autora: Ing. Mailyn Medero Ruíz

*Tutores: Dr.C., Inv. Titular, Ing. Víctor R. Medero Vega
Dr.C., Prof. Titular y Prof. de Mérito de la UCLV, Lic. Ricardo Grau Ábalo*

*Cienfuegos, Cuba
2017*



*Universidad de Cienfuegos “Carlos Rafael Rodríguez”
Facultad de Ciencias Económicas y Empresariales
Maestría en Matemática Aplicada*

Título:

*Proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de
rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.*

Tesis presentada en opción al título académico de Máster en Matemática Aplicada

Autora: Ing. Mailyn Medero Ruíz

*Tutores: Dr.C., Inv. Titular, Ing. Víctor R. Medero Vega
Dr.C., Prof. Titular y Prof. de Mérito de la UCLV, Lic. Ricardo Grau Ábalo*

*Cienfuegos, Cuba
2017*

Dedicatoria

Dedicatoria

Especialmente a mis dos grandes tesoros: María Alejandra y Melissa, por lograr de mis días los más pesados y ligeros, por ser lo más grande para mí.

A mi esposo: Abdiel, por su apoyo, consejos, por todos los momentos de alegrías y sobre todo por darme lo más preciado de mi vida.

A mis padres, Belkís y Víctor, por darme el ser, por quererme y ayudarme incondicionalmente.

A mi abuela, por su amor y dedicación, porque ha sido otra madre para mí.

A mi hermana, Dailyn, por estar siempre a mi lado, por ser incondicional, por quererme tanto.

A todos los que hicieron posible que este sueño se hiciera realidad.

Agradecimientos

Agradecimientos

*Un especial agradecimiento a mis niñas, mi esposo y mis padres por ser los motores
que me impulsan a superarme y ser mejor cada día.*

*A mis suegros, que han sido como otros padres para mí, que me apoyan y me
respaldan en mis decisiones.*

*A mi tutor principal, mi papá, por dedicarme gran parte de su tiempo, por su
constancia.*

*Al Doctor Ricardo Grau Ábalo, por su valiosa ayuda y por las experiencias
trasmitidas durante la tutoría de la presente investigación.*

*A mis demás familiares, a aquellos que influyeron de una manera u otra en mi nueva
formación.*

A mi nueva familia, por apoyarme y ayudarme cuando los necesito.

A mis amigos, por creer en mí, por escucharme.

A la Revolución, que me ha dado la oportunidad de seguir estudiando.

A los profesores que contribuyeron a mi formación.

A todos, muchas gracias.

Resumen

La presente investigación se realizó en áreas experimentales del Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales (INIVIT), ubicado en Santo Domingo, provincia Villa Clara. El objetivo general del trabajo consistió en, definir un proceder matemático que incluya los modelos necesarios para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca de los clones 'CMC-76' y 'CEMSA 74-725' obtenidas por métodos biotecnológicos, a partir de los datos de cinco variables cuantitativas durante cinco ciclos de cultivo en campo. Se realizó un estudio de los modelos matemáticos más aplicados en la agricultura y de los posibles modelos matemáticos a utilizar para determinar el momento donde la respuesta de las variables evaluadas en las plantas procedentes de los métodos biotecnológicos (embriogénesis somática y organogénesis) se iguala a las del método tradicional. Como resultado se obtuvo un proceder matemático que incluye desde la preparación de la base de datos hasta los modelos de regresión de mayor ajuste que permitieron calcular la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en las plantas propagadas por técnicas biotecnológicas. Además, se corroboró que con la combinación de los programas *SPSS* para *Windows* y el *Mathematica* se alcanzan resultados con mayor confiabilidad. Se logró determinar que en las plantas producidas por los métodos biotecnológicos son factibles hasta cinco ciclos de cultivo en campo, con producciones superiores o iguales a los de plantas procedentes del método tradicional, lo cual resulta novedoso y de gran impacto porque permite establecer la estrategia de renovación del material de plantación para la producción de “semilla” en este cultivo.

Índice

Introducción.....	1
Capítulo 1: Modelos matemáticos y fundamentos del cultivo de la yuca.....	5
1.1. La yuca, origen e importancia del cultivo.....	5
1.2. Formas de propagación de la yuca	5
1.2.1. Técnicas de cultivo de tejidos en yuca	6
1.2.1.1. Propagación <i>in vitro</i> por organogénesis en yuca	6
1.2.1.2. Propagación <i>in vitro</i> por embriogénesis somática en yuca	6
1.2.2. Esquema para la producción de “semilla” categorizada de yuca	7
1.3. Diseños de experimentos.....	8
1.4. El Análisis de varianza paramétrico y sus complementos	8
1.4.1. Ideas básicas del ANOVA paramétrico.....	8
1.4.1.1. El ANOVA simple con un factor	9
1.4.1.2. El ANOVA con dos o más factores	12
1.4.2. Complementos del ANOVA paramétrico	12
1.4.2.1. Las pruebas de contraste	12
1.4.2.2. Análisis crítico de las pruebas post-hoc.....	13
1.4.2.2.1. Sobre los test post hoc complementarios del ANOVA paramétrico	14
1.4.2.2.2. Test de rangos cuando hay homogeneidad de varianzas	14
1.4.2.2.3. Test de rangos cuando no hay homogeneidad de varianzas	15
1.4.2.3. Los gráficos de perfil	15
1.4.3. El ANOVA no paramétrico.....	16
1.5. El análisis de regresión	19
1.5.1. Regresión lineal simple	19
1.5.2. Regresión lineal múltiple	21
1.5.3. Regresión Curvilínea.....	22
1.6. Consideraciones generales del capítulo.....	23
Capítulo 2: Descripción del proceder matemático que permita determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos	24
2.1. Ubicación del experimento para la toma de datos	24
2.2. Descripción de los clones estudiados.....	24
2.3. Diseño experimental y plantación en campo	25
2.4. Descripción del proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos	25
2.4.1. Selección de las variables a evaluar	25
2.4.2. Recopilación de los datos.....	25
2.4.3. Procesamiento estadístico de los datos	26
2.4.4. Establecimiento de los modelos matemáticos para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos...27	
2.5. Conclusiones parciales del capítulo	28

Capítulo 3: Aplicación del proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.....	29
3.1. Selección de las variables a evaluar	29
3.2. Recopilación de los datos	29
3.3. Procesamiento estadístico de los datos	29
3.3.1. Altura de la planta (cm)	29
3.3.2. Altura de la primera ramificación (cm)	34
3.3.3. Número de estacas por planta.....	39
3.3.4. Número de raíces por planta	44
3.3.5. Rendimiento por planta (kg)	49
3.4. Definición de los modelos de regresión para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos	54
3.4.1. Altura de la planta (cm)	54
3.4.2. Altura de la primera ramificación (cm)	59
3.4.3. Número de estacas por planta.....	63
3.4.4. Número de raíces por planta	65
3.4.5. Rendimiento (kg/planta)	67
3.5. Conclusiones parciales del capítulo	70
Conclusiones Generales	71
Recomendaciones	72
Referencias Bibliográficas	73
Anexos.....	77

Introducción

El desarrollo de la agricultura en Cuba ha sido un hecho importante por su contribución en el orden socioeconómico del país. En los tiempos actuales se procura una agricultura sostenible y ecológica, pero el déficit de productos que de ella se obtiene hace necesario crear estrategias encaminadas a una recuperación de todos sus procesos para satisfacer las demandas alimenticias de la población.

La estrategia a seguir, concibe la producción de viandas de ciclos corto, mediano y largo plazo. Para garantizar que la producción de viandas llegue a la población durante todo el año, se exige estudiar e investigar, no sólo desde el punto de vista agrícola, sino desde la aplicación de todas las ramas de las ciencias, los diferentes modos de producción, rendimientos y calidad de todos aquellos productos que se cultivan en el territorio nacional.

La yuca (*Manihot esculenta*, Crantz) es un cultivo originario de América Tropical e introducido en África y Asia por los conquistadores europeos en los siglos XVII y XVIII (Domínguez *et al.*, 1983). Es considerada la cuarta fuente de calorías después del arroz, la caña de azúcar y el maíz (Ceballos, 2002). Este cultivo se ha convertido en un elemento clave para la lucha contra el hambre y la pobreza (Ospina, 2000), y constituye el alimento básico para más de 1000 millones de personas en el mundo (FAO, 2016). De modo general, tiene múltiples usos en industrias crecientes como la producción de alimentos, fármacos, alimentos concentrados para animales, textiles, papel y otras.

En Cuba, la yuca forma parte del grupo de raíces y tubérculos tropicales que la población consume como fuente energética básica para su dieta y es componente esencial de la comida tradicional. Se destinan para la plantación de este cultivo más de 100 mil hectáreas; durante el año 2013, los rendimientos que se obtuvieron a escala nacional fueron de 7,0 t ha⁻¹ (Medero *et al.*, 2015), los cuales estuvieron por debajo de la media mundial (13,5 t ha⁻¹), según FAOSTAT (2015). En los últimos años, se ha trabajado por lograr la plantación de 1,0 ha del cultivo por cada 75 habitantes en cada provincia del país (Rodríguez, 2004).

La falta de tecnologías para la producción de material de plantación, en cantidad suficiente y en condiciones fitosanitarias óptimas, se ha convertido en un obstáculo para el desarrollo a escala comercial del cultivo de la yuca (Bellotti *et al.*, 2002). La propagación vegetativa convencional facilita la diseminación de plagas y enfermedades, lo cual afecta la calidad y cantidad del material de plantación y, por ende, la producción del cultivo.

Por otra parte, la Biotecnología Vegetal es una alternativa de gran utilidad para la producción de “semilla” básica a gran escala por organogénesis y embriogénesis somática, aumentar el número de cultivos derivados de ápices meristématicos para hacer pruebas de presencia de virus y para facilitar el intercambio internacional de germoplasma (Roca *et al.*, 1991).

En el Laboratorio de Biotecnología Vegetal del Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT), desde hace varios años se ha venido trabajando en la propagación *in vitro* de yuca, vía organogénesis y embriogénesis somática, para la producción de “semilla” de alta calidad genética y fitosanitaria (Medero, 2006). Este resultado ha permitido establecer un sistema de trabajo para producir “semilla” categorizada de este cultivo. Sin embargo, no se conoce con precisión en qué momento se igualan las variables cuantitativas de las plantas producidas *in vitro* con relación a las que se propagan por el método tradicional. Lo antes

expuesto impone la necesidad de trabajar en la búsqueda de un proceder matemático que permita determinar el momento en que se igualen dichas variables y de esta forma determinar el número de ciclos a realizar con estacas de plantas micropropagadas antes de iniciar nuevamente el proceso a partir de plántulas producidas *in vitro*.

La modelación entendida como el proceso mediante el cual un investigador construye un modelo que representa un objeto o sistema real y la definición de procedimientos matemáticos, son herramientas utilizadas para resolver determinados problemas que en la actualidad se aplican a gran escala para lograr el desarrollo de la agricultura en la mayoría de los países del mundo. Por otra parte, se debe destacar la importancia que tiene el uso de la matemática en la rama agropecuaria para establecer relaciones entre variables y ampliar los conocimientos sobre los procesos químicos, físicos, mecánicos, biológicos y sociales que ocurren en los agrosistemas, al reconocer las especies, cultivares de plantas y animales presentes, con preceptos de conservación y protección (Chávez *et al.*, 2013).

La aplicación de la matemática en las ciencias agropecuarias permite brindar criterios y herramientas básicas para manejar e interpretar cada vez mejor la actividad agrícola, satisfacer las demandas de nuevas tecnologías destinadas a producir en mercados globales altamente competitivos, resguardar los recursos naturales y garantizar la toma de decisiones a corto, mediano y largo plazo en condiciones similares a las de experimentación (Ortega, 2000).

Por tal motivo se define como **problema científico** de la presente investigación:

¿Cómo determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos, mediante la aplicación de modelos matemáticos?

A partir del problema científico se pueden hacer las siguientes preguntas específicas:

1. ¿Cuáles son los métodos estadísticos tradicionales para analizar los datos?
2. ¿Cómo pronosticar estadísticamente el momento donde se igualan las variables evaluadas?
3. ¿Cuántos ciclos de cultivo en campo son suficientes para llegar a un resultado?

De forma general se tiene como **hipótesis** de que, si se emplean los modelos de regresión para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos, entonces se contará con una herramienta para determinar en qué momento se igualan las variables de las plantas producidas *in vitro* con relación a las propagadas por el método tradicional.

Variables de la hipótesis:

Variables dependientes: momento donde se igualan las variables de las plantas producidas *in vitro* con relación a las obtenidas por el método tradicional.

Variables independientes: modelos de regresión para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

El **objeto de estudio** es:

Durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

El **campo de acción** es:

Modelos matemáticos para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos en áreas de campo del INIVIT.

Objetivo general:

Definir un proceder matemático que incluya los modelos necesarios para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

Objetivos específicos:

1. Estudiar los métodos estadísticos más aplicados a la agricultura y específicamente aquellos que permitan determinar el momento donde se igualen las variables evaluadas de las plantas producidas *in vitro* con relación a las del método tradicional.
2. Establecer las variables cuantitativas que más contribuyen al efecto de rejuvenecimiento y la estrategia matemática para conocer su durabilidad.
3. Definir un proceder matemático para determinar el momento donde la respuesta en campo de las variables evaluadas en las plantas procedentes de los métodos biotecnológicos (embriogénesis somática y organogénesis) se iguala a las del método tradicional.

Para dar cumplimiento a los objetivos específicos se realizaron las siguientes **tareas de investigación**:

1. Estudio de problemáticas similares existentes en la esfera productiva de la agricultura y su posible solución mediante el empleo de herramientas matemáticas.
2. Valoración de los procedimientos estadísticos para explicar correctamente la ocurrencia de respuestas biológicas en plantas procedentes de los métodos biotecnológicos y las del método tradicional.
3. Determinación de los modelos matemáticos de mejor ajuste para determinar el momento donde se igualan las producciones de las plantas producidas *in vitro* con relación a las plantas procedentes del método tradicional.
4. Establecimiento del proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

La investigación se **justifica** por la necesidad de conocer en la práctica productiva el número de ciclos de cultivo en que las plantas rejuvenecidas por técnicas biotecnológicas igualan su respuesta morfoagronómica a las plantas procedentes del método tradicional, ya que se requiere determinar el tiempo para rejuvenecer nuevamente el material propagado y garantizar “semillas” con una alta calidad genética y fitosanitaria.

La **novedad científica** está dada por el hecho de que se contará con un proceder matemático que permitirá conocer la durabilidad efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

El **aporte práctico** está dado por el proceder matemático que permite conocer el momento en el cual se necesita renovar el material de plantación obtenido por técnicas biotecnológicas, para no afectar la calidad de la “semilla” y la producción del cultivo.

Métodos utilizados en la Investigación:

Los **métodos teóricos** permiten descubrir, en el objeto de investigación, las relaciones esenciales y las cualidades fundamentales, no detectables de manera censo perceptual. Por ello se apoya básicamente en los procesos de abstracción, análisis, síntesis, inducción y deducción.

- ✓ **El Histórico-Lógico:** para conocer y analizar el desarrollo de la producción por métodos biotecnológicos de “semilla” de yuca que permita la confección del marco teórico de la investigación.
- ✓ **El Analítico-Sintético:** para analizar toda la información relacionada con los aspectos abordados en la presente investigación, poder definir mediante métodos matemáticos el momento en el cual se necesita renovar la “semilla” de la yuca para garantizar altos rendimientos por unidad de área, así como arribar a conclusiones parciales y generales.
- ✓ **El Inductivo-Deductivo:** posibilita dar respuesta a las interrogantes planteadas en el desarrollo de la investigación y a partir de casos particulares inferir proposiciones que deducen, generalizan y particularizan nuevamente los resultados científicos obtenidos.

El aporte al proceso de investigación de los **métodos empíricos** es resultado fundamentalmente de la experiencia. Estos métodos posibilitan revelar las relaciones esenciales y las características fundamentales del objeto de estudio, accesibles a la detección censo perceptual, a través de procedimientos prácticos con el objeto y diversos medios de estudio.

- ✓ **La observación:** para la creación de la base de datos con los caracteres cuantitativos de las plantas de yuca, la interpretación del problema y sus partes.
- ✓ **El análisis de documentos:** para la revisión de los métodos aplicables a la temática en cuestión.

En los **métodos estadísticos matemáticos** el análisis de varianza y el análisis de regresión son procedimientos estadísticos para estimar las relaciones de cada una de las variables respecto a los factores con su interacción.

- ✓ **Análisis de varianza:** para analizar los datos y determinar la relación entre las variables.
- ✓ **Análisis de regresión:** para determinar el modelo matemático a implementar.

El trabajo quedó estructurado en: Resumen, Índice, Introducción, Capítulo 1, Capítulo 2, Capítulo 3, Conclusiones Generales, Recomendaciones, Referencias Bibliográficas y Anexos.

Capítulo 1: Modelos matemáticos y fundamentos del cultivo de la yuca

En este capítulo se referencia el origen e importancia del cultivo de la yuca, así como sus formas de propagación. Se describe la utilización de las técnicas de cultivo de tejidos y su aplicación para la producción de “semilla” por organogénesis y embriogénesis somática. Se referencian los modelos estadísticos utilizados para determinar la significación de las variables estudiadas en los experimentos de campo y el empleo de los modelos de regresión para determinar el punto de igualdad entre los diferentes métodos de propagación.

1.1. La yuca, origen e importancia del cultivo

En la literatura existen diversos criterios acerca del centro de origen de la yuca (*Manihot esculenta*, Crantz), pero los investigadores se inclinan a admitir más de un lugar de origen e indican como posibles a Brasil, América Central y México. Sin embargo, la mayoría de los botánicos-ecólogos la consideran como originaria de América Tropical y señalan el nordeste de Brasil como el más probable centro de origen (Domínguez *et al.*, 1983; Bertram, 1993).

Este cultivo, actualmente alcanza una producción mundial superior a los 203 000 000 de toneladas de raíces frescas y un rendimiento promedio de 10,9 t.ha⁻¹ (FAO, 2016). Además, representa uno de los más eficientes en la producción de carbohidratos, tolerante a la baja fertilidad del suelo y a la sequía, y ha demostrado ser capaz de recuperarse de los daños causados por la mayoría de las plagas y enfermedades que lo atacan (Raemakers, 1993; Best y Henry, 1994).

La planta completa, con sus raíces ricas en almidón y las hojas en proteínas, tiene múltiples usos para el consumo humano en forma fresca o procesada, para alimento animal y en la obtención de almidones y sus derivados (López *et al.*, 1984).

En Cuba, la yuca ha constituido un valioso alimento desde la época de los aborígenes, mucho antes de la llegada de los colonizadores españoles, y forma parte del grupo de raíces y tubérculos que la población denomina viandas (Rodríguez *et al.*, 2000). Constituye un componente importante en la dieta tradicional básica de la población. Su follaje se emplea en los bancos de proteína para la ganadería vacuna y se desarrolla como sustituto en la confección de concentrados para la alimentación de cerdos y aves.

1.2. Formas de propagación de la yuca

La yuca comúnmente es propagada de forma asexual por pedazos de tallos o estacas, que comprende también el cultivo de tejidos, de retoños y de hojas; donde la más utilizada es la propagación por estacas (López *et al.*, 1984; Montaldo, 1996). Además, se puede propagar de forma sexual a partir de semilla verdadera (semilla sexual botánica), pero tiene inconvenientes de segregación por ser una especie heterocigótica y alógama (Cock, 1989; Ceballos, 2002).

En condiciones de campo, la yuca se puede multiplicar normalmente a una tasa de tres a treinta veces por año, en dependencia del cultivar y de las condiciones ecológicas. Esta tasa de multiplicación es mucho más baja que la de otros cultivos, particularmente de aquellos que se reproducen sexualmente (Cock, 1989).

Según Mantilla (1996), investigaciones realizadas indican que el material de propagación es una de las principales limitantes en los rendimientos y en la expansión del cultivo, ya que los problemas que más lo afectan están íntimamente relacionados con la calidad del material de propagación utilizado. Además, la propagación vegetativa constituye un riesgo, debido a que es posible diseminar plagas y enfermedades, en especial las generadas por organismos sistémicos como los virus (Hernández *et al.*, 1999). Por lo anterior, el potencial de propagación clonal *in vitro* de la yuca ha sido motivo de estudios frecuentes y ha alcanzado importantes logros con la aplicación de las técnicas de cultivo de tejidos (Roca *et al.*, 1991; Fregene *et al.*, 2002).

1.2.1. Técnicas de cultivo de tejidos en yuca

Las técnicas de cultivo de tejidos se basan en el aislamiento de una porción de tejido de la planta, la cual es cultivada bajo condiciones asépticas, en un medio de cultivo de composición definida. De forma general se han desarrollado varias vías para realizar la propagación clonal *in vitro* de una planta, entre las cuales se tienen el cultivo de meristemos, ápices o yemas axilares y embriones sexuales; la microinjertación; la organogénesis y la embriogénesis somática (Krikorian, 1991; Perea, 1993). Además, con el empleo de las técnicas de cultivo de tejidos se ha podido lograr el mejoramiento genético, el saneamiento de materiales, la conservación de germoplasma y la micropropagación de especies de importancia económica (Villalobos y Thorpe, 1991).

La alta capacidad de propagación, la ausencia de microorganismos, el poco espacio requerido para el almacenamiento y el fácil manejo, constituyen la base del cultivo de tejidos. Esta técnica se ha utilizado en yuca para la conservación e intercambio de germoplasma (Roca *et al.*, 1984), para el saneamiento de clones (Roca *et al.*, 1991), y para la crioconservación de genotipos por largo tiempo (Escobar *et al.*, 2004).

1.2.1.1. Propagación *in vitro* por organogénesis en yuca

Los primeros trabajos sobre la aplicación de técnicas biotecnológicas en el cultivo de la yuca se remiten a principios de la década de 1970 y hasta la fecha se han logrado importantes avances. Roca *et al.* (1984), plantean que la vía más frecuente para la micropropagación de la yuca es el cultivo de ápices y segmentos de tallo. Incrementos en el coeficiente de multiplicación se logran con la propagación múltiple a través de la inducción de tallos en “roseta” (Mireles y Páez de Casares, 1984). En 1986, Meyer y Van Staden sugieren que, aunque el medio de cultivo Murashige y Skoog (1962) (MS), comúnmente utilizado para propagar esta especie *in vitro*, tiene características químicas apropiadas, su composición es deficiente en algunos de sus elementos y Schöpke *et al.* (1993) encuentran un incremento en el peso fresco de sus cultivos al adicionar 2 μ M de cobre al medio de cultivo.

En estudios sobre el desarrollo de callos de yuca (Noerhadi y Widiyanto, 1982), concluyeron que las auxinas y citoquininas son requeridas para el crecimiento de callos y la formación de raíces. Li *et al.* (1995) describieron un novedoso método organogénico de regeneración de brotes a partir de cotiledones de embriones somáticos germinados, en un medio de cultivo que contiene 6-bencilaminopurina (6-BAP) y ácido indolbutírico (AIB).

1.2.1.2. Propagación *in vitro* por embriogénesis somática en yuca

En 1902, Haberlandt propuso la teoría de que todas las células vegetales tenían la capacidad para formar plantas completas, es decir postuló el principio de la totipotencia celular (citado por

Jiménez *et al.*, 1998). Este fenómeno de la totipotencia de las células vegetales cultivadas *in vitro* se estableció por Reinert (1958) y Steward *et al.* (1958), quienes describieron la inducción de embriones somáticos a partir de callos derivados del ápice radical de la zanahoria (*Daucus carota* L.).

Como embriones somáticos, asexuales o adventicios se han definido los iniciados a partir de células que no son el producto de la fusión de gametos (Tisserat *et al.*, 1979). La regeneración de plantas vía embriogénesis somática incluye varias etapas las cuales son: inducción, proliferación, maduración, germinación y conversión de los embriones somáticos (Gómez, 1998).

Según Escalant y Teisson (1989), los embriones somáticos se caracterizan por tener autonomía frente al tejido generador (protegido generalmente por una epidermis), histológicamente no tienen conexión vascular con el tejido que le dio origen por lo que pueden ser separados fácilmente de este, son estructuras bipolares con ápices radical y apical, cotiledones y presentan bandas procambiales entre los ápices.

Contrariamente a los embriones cigóticos, los embriones somáticos no contienen un nuevo grupo de genes, sino que poseen la misma combinación genética de la planta donante del explante. Parrott (1993), señala que la inducción del estado embriogénico incluye los mismos mecanismos genéticos que conllevan a la embriogénesis cigótica.

El primer trabajo sobre embriogénesis somática en yuca se realizó por Stamp y Henshaw (1982). En este cultivo, para la inducción de embriones somáticos se han utilizado como explantes iniciales diferentes partes y órganos de la planta; por ejemplo, a partir de: cotiledones y ejes embrionarios de semillas maduras, lóbulos de hojas inmaduras, hojas inmaduras completas, meristemos apicales, anteras y meristemos axilares (Medero *et al.*, 2000).

El método básico para la obtención de los embriones somáticos en yuca utiliza auxinas en la primera fase de cultivo, con lo cual se induce la aparición de estas estructuras; el desarrollo embrionario toma lugar cuando el regulador del crecimiento es removido drásticamente o paulatinamente del medio de cultivo en la fase siguiente. Mathews *et al.* (1993) y Raemakers (1993) siguen una metodología de tres pasos en la cual los embriones somáticos primero son inducidos, luego germinados y por último elongados, mientras que los protocolos más recientes involucran cuatro fases, con un paso intermedio de proliferación o multiplicación de los embriones primarios entre las fases de inducción y de germinación (Medero, 2006).

Según los resultados alcanzados en estudios realizados por varios investigadores respecto a la estabilidad genética de las plantas regeneradas por embriogénesis somática de yuca, demuestran una alta estabilidad y que las variaciones espontáneas presentadas a nivel de ploidía ocurren a muy baja frecuencia. Además, señalan que los pocos cambios en algunas características cualitativas de las plantas obtenidas son de origen epigenético causados por cambios fisiológicos durante el proceso de regeneración y que tan pronto como retornen a las condiciones de campo, esta variación desaparecerá (Medero *et al.*, 2002; 2006).

1.2.2. Esquema para la producción de “semilla” categorizada de yuca

Durante la primera década del siglo XXI, el INIVIT emprendió un programa de producción de “semilla” original de yuca por técnicas biotecnológicas a partir de plántulas producidas *in vitro* y regeneradas vía organogénesis y embriogénesis somática. La problemática radica en conocer cuántos ciclos de cultivo en campo se pueden hacer antes de que la respuesta de estas plantas se iguale a las obtenidas por el método tradicional de propagación, ya que en todos los cultivos

que se micropropagan generalmente se realizan dos ciclos en campo y se vuelve a iniciar el proceso.

1.3. Diseños de experimentos

Un experimento es un estudio de investigación en el que se manipulan deliberadamente una o más variables independientes (supuestas causas) para analizar las consecuencias de esa manipulación sobre una o más variables dependientes (supuestos efectos) dentro de una situación de control para el investigador. Este se lleva a cabo para analizar si una o más variables independientes afectan a una o más variables dependientes y por qué la afectan, dígame, por ejemplo, la variable X sobre Y. La manipulación de X puede llevarse a cabo en dos o más grados. Considerada X como variable aleatoria, ello significa que puede ser dicotómica (presencia-ausencia), nominal u ordinal. La manipulación de X se traduce en formación de grupos (un grupo para cada nivel de esta variable independiente).

En el momento de planear un experimento se necesita conocer la cantidad adecuada de productos para realizarles las pruebas, es decir conocer la unidad experimental. Esta está dada por la cantidad de artículos que es necesario producir en una condición de operación del proceso, para obtener a partir de ellos una medición o dato representativo de lo que allí ocurre. En cada diseño de experimento es importante definir cuidadosamente la unidad experimental: individuo, objeto, grupo o conjunto de sujetos experimentales a los cuales se les aplica un determinado tratamiento. Por ejemplo, la unidad experimental puede ser una parcela en una plantación, un grupo de semillas, una persona entrevistada o un árbol que se mide. En todo proceso se deberán definir además las variables de entrada o factores, los que pueden ser controlables o no controlables y las variables de salida o de respuesta. Diseños como el de bloques al azar brinda una mayor precisión en la estimación del error (Freedman, 2005).

En el diseño en bloques al azar, primero se clasifican las unidades experimentales en grupos homogéneos, llamados bloques, y los tratamientos son entonces asignados aleatoriamente dentro de los bloques. Esta estrategia de diseño mejora efectivamente la precisión en las comparaciones al reducir la variabilidad residual.

1.4. El Análisis de varianza paramétrico y sus complementos

El antecedente del análisis de varianza (ANOVA: *Analysis of Variance*), es el test *T* de Student que compara las medias de una variable dependiente entre dos grupos y tiene formulaciones para cuando existe o no homogeneidad de varianzas. La homogeneidad de varianzas puede ser comprobada previamente con un test de Levene para decidir cuál de los *T*-tests se debe utilizar. El ANOVA, que compara las medias de *k* grupos es, matemáticamente hablando, una estricta generalización del test de Student cuando las varianzas son similares, esto es, si se aplica el ANOVA con $k=2$, se obtienen resultados idénticos al *T*-test gracias a la relación entre los estadígrafos correspondientes (Grau, 1994).

1.4.1. Ideas básicas del ANOVA paramétrico

En este tipo de análisis se comparan las estimaciones de la varianza entre muestras y al interior de cada una para determinar mediante una prueba *F* si se trata de una misma población (H_0 : las muestras provienen de la misma población) o sí, por el contrario, provienen de diferentes poblaciones. Una vez probado que al menos un par de medias es diferente se procede a aplicar una prueba de comparaciones múltiples de medias para determinar cuáles de ellos son

estadísticamente diferentes. Un método de análisis alternativo es realizar comparaciones planeadas; para las cuales no es necesario realizar primero una prueba F.

El ANOVA permite analizar el efecto de una o más variables o categorías en un conjunto de datos. Cada tratamiento puede tener varias observaciones o por el contrario tener una única observación por tratamiento. Existen varios modelos a partir del número de variables involucradas como el análisis de varianza simple o de un factor, y el análisis de varianza de dos factores. También es posible estudiar el efecto de varias variables y su interacción sobre una variable dependiente cuantitativa. Para ello se realizará un análisis de varianza con más de dos factores (Murillo y Martínez-Garrido, 2002).

1.4.1.1. El ANOVA simple con un factor

La idea más simple del análisis de varianza es la siguiente:

Supongamos que se tiene una variable dependiente X que se desea comparar entre k grupos. En cada uno de los grupos, $i=1,2,\dots,k$ se dispone de n_i casos. Los valores de n_i no tienen que ser en principio iguales, pero sí lo son, se dice que es un diseño equilibrado y ello ayuda a los prerequisites del test.

El número total de casos es:

$$N = \sum_{i=1}^k n_i$$

Se denominan x_{ij} a los valores muestrales de la variable X en el grupo i ($i=1,2,\dots,k$) para cada instancia j ($j=1,2,\dots,n_i$). Entonces la media muestral en el grupo i es:

$$\bar{x}_i = \frac{\sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}}{n_i}$$

mientras que la media muestral es totalmente:

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}}{N} = \frac{\sum_{i=1}^k n_i \bar{x}_i}{N}$$

Posteriormente, se calcula la suma de cuadrados “entre los grupos”, como una expresión de la diferencia entre ellos, comparando las medias muestrales de los grupos con la media general:

$$SCEG = \sum_{i=1}^k (\bar{x}_i - \bar{x})^2$$

Se calcula también la suma de cuadrados “dentro de los grupos”

$$SCDG = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_i)^2$$

como una expresión de la variabilidad que existe dentro de los grupos.

La suma de cuadrados total se obtiene comparando todos los valores muestrales con la media general:

$$SCTot = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x})^2$$

Se demuestra matemáticamente que

$$SCTot = SCEG + SCDG$$

O explícitamente:

$$\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x})^2 = N \sum_{i=1}^k (\bar{x}_i - \bar{x})^2 + \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_i)^2$$

De esta forma, si SCEG es bastante mayor que SCDG, se acusa una diferencia entre grupos. Para evitar un sesgo en la estimación, estas sumas de cuadrados tienen que ser divididas por sus grados de libertad (Grau, 1994), resultando:

$$kN - 1 = (k - 1) + k(N - 1)$$

Se conforma un estadígrafo F que representa la razón de la dispersión entre grupos por la dispersión dentro de grupos:

$$F = \frac{\frac{SCEG}{k-1}}{\frac{SCDG}{N(k-1)}}$$

La hipótesis fundamental o conservativa del ANOVA (H_0) es que las medias poblacionales (denotadas μ_i , $i=1,2,\dots,k$) de todos los grupos son iguales:

$$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k$$

que se enfrenta a diferentes posibles hipótesis alternativas; la más simple de ellas, es que no todas las medias poblacionales son iguales, esto es, existe al menos una pareja de grupos en los cuales las medias son diferentes:

$$H_1: \exists_{i,j} \mu_i \neq \mu_j$$

Si se cumplen prerequisites de no normalidad de la variable X y de homogeneidad de varianzas entre los grupos y la hipótesis fundamental H_0 es cierta, entonces F tiene una distribución de Fisher-Snedecor con $(k-1, N(k-1))$ grados de libertad y su valor no debe ser mucho mayor que 1. Si el valor observado en la muestra F_{obs} es grande existen razones para pensar que la dispersión entre grupos supera a la dispersión dentro de grupos y por tanto el ANOVA acusa diferencias entre los grupos con una probabilidad de error, o significación:

$$\alpha = Prob(F > F_{obs} \mid H_0 \text{ es cierta})$$

Si el valor de α es menor que 0,05 se declara que hay diferencias significativas al 5% entre los grupos.

Sobre la homogeneidad de varianzas se puede aclarar lo siguiente. Junto a la normalidad de la variable dependiente, la homogeneidad de varianzas entre los grupos independientes es efectivamente otro de los prerequisites que hacen robusto el ANOVA paramétrico. Para comprobar la homogeneidad de varianzas habría que testar:

$$H_0: \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_k^2$$

contra la hipótesis alternativa

$$H_1: \exists_{i,j} \sigma_i^2 \neq \sigma_j^2$$

Los paquetes estadísticos como el SPSS (*Statistical Package for the Social Sciences*) suelen incluir como opciones del ANOVA un test de Levene para verificar la homogeneidad de varianzas. Se puede incluso implementar un test más fuerte, como el test de Bartlett, válido también en situaciones multivariadas y en la regresión. La solución matemática se basa en un

estadígrafo B que tiene aproximadamente una distribución Chi-cuadrado con $k - 1$ grados de libertad, y se resume como sigue:

A partir de las varianzas muestrales en cada uno de los grupos, se calcula:

$$s_p^2 = \frac{\sum_{i=1}^k (n_i - 1) s_i^2}{N - k}$$

Entonces, se calcula un valor observado de B , pero se precisa como:

$$b_{obs} = 2.3026 \frac{q}{h}$$

donde

$$q = (N - k) \log_{10}(s_p^2) - \sum_{i=1}^k (n_i - 1) \log_{10}(s_i^2)$$

y

$$h = 1 + \frac{1}{3(k - 1)} \left(\sum_{i=1}^k \frac{1}{(n_i - 1)} - \frac{1}{N - k} \right)$$

Este test de Bartlett está implementado por ejemplo en el MATLAB (MathLab, 2007). Puede además ser implementado en el *Mathematica* o incluso en el Excel porque las fórmulas algebraicas son sencillas y se dispone en ambos paquetes de la distribución Chi-cuadrado.

Está demostrado que la distribución de F es menos susceptible a la falta de homogeneidad de varianzas, especialmente cuando el diseño es equilibrado:

$$n_1 = n_2 = \dots = n_k$$

No en balde los investigadores agrónomos o de otras especialidades que requieren hacer procedimientos ANOVA procuran diseños equilibrados.

Por otra parte, además del estadígrafo F las implementaciones del ANOVA reportan un estadígrafo llamado coeficiente de determinación y denotado usualmente por R^2 . Este estadígrafo toma valores ente 0 y 1, es una expresión del nivel de correlación entre el factor f y la variable dependiente X , y en principio, en la medida en que esté más cercano a 1, el ajuste al modelo es mejor.

De todas las medidas estadísticas el coeficiente de correlación es una de las más frecuentemente malinterpretadas. El mayor problema consiste en la confusión con la relación causa-efecto: un coeficiente de correlación significativo, no importa cuán alto sea no puede ser interpretado como una relación ontológica de causa-efecto. Además, ambas variables pueden ser dependientes de una tercera variable que no forma parte del análisis.

Otro problema es que cuando un coeficiente de correlación R no es significativamente diferente de cero, ello no puede ser interpretado como que la variable X es independiente del factor. Ello significa solamente que no tienen una asociación lineal. Las dos variables pueden estar asociadas de una manera no lineal. Por ejemplo, si la asociación es cuadrática, la correlación puede ser prácticamente 0 y ello no significa independencia.

Una fuente adicional de error potencial surge cuando los datos están en forma de razones o promedios. Las razones y promedios suprimen la variación dentro de una medición muestral, y entonces son propensas a “inflar” el coeficiente de correlación.

Aunque, R^2 se calcula de una forma proporcional a F , él en sí mismo no es un estadístico con una significación independiente. Como medida de la proporción de la varianza explicada por la relación entre las variables, R^2 se utiliza sobre todo para encontrar entre dos modelos obtenidos

bajo condiciones similares cuál es el mejor. No obstante, los paquetes estadísticos reflejan además de R^2 un valor de R^2 ajustado por las dimensiones del problema y además un intervalo de confianza (Grau, 1994).

La concepción del coeficiente de determinación R^2 se extiende al ANOVA de dos o más factores y al análisis de regresión, siempre como una medida de la proporción de la variación que es explicada por una supuesta relación lineal entre los varios factores (o variables) y la variable dependiente.

1.4.1.2. El ANOVA con dos o más factores

Cuando se tienen dos factores, denominémoslos f_1 y f_2 , posiblemente influyentes sobre la variable dependiente X , es necesario analizar la influencia de cada uno sobre X , llamados efectos principales, pero también la influencia de la posible interacción f_1*f_2 . Cuando la interacción f_1*f_2 es significativa, esto es lo fundamental y no tiene sentido detenerse en la influencia de los efectos principales f_1 y f_2 por separado (Grau, 1994; Bernstein y Bernstein, 1999).

Cuando hay 3 factores, f_1 , f_2 , f_3 , hay que considerar la influencia de cada uno como efecto principal, pero también de las interacciones f_1*f_2 , f_1*f_3 , f_2*f_3 , e incluso la posible interacción de tercer orden $f_1*f_2*f_3$. El análisis de los resultados se realizaría igualmente de forma descendente: si la influencia de la interacción de tercer orden es significativa, no hay que analizar más nada; si no lo es, se analiza la posible influencia de las interacciones de segundo orden, y en última instancia de no interacción, los efectos principales.

De manera análoga se concibe el análisis con cuatro factores o más. Sin embargo, la influencia de interacciones de alto orden, incluso el tercero, puede ser cuestionable cuando las muestras son relativamente pequeñas, además de difícil interpretación. Por ello los investigadores optan por omitir estas interacciones de orden superior en el análisis estadístico.

1.4.2. Complementos del ANOVA paramétrico

Se describen a continuación tres complementos del análisis de varianza paramétrico: las pruebas de contraste, los test post hoc y los gráficos de perfil.

1.4.2.1. Las pruebas de contraste

Estas pruebas se utilizan para contrastar las diferencias entre los niveles de un factor. Se puede especificar un contraste para cada factor en el modelo. Los contrastes representan las combinaciones lineales de los parámetros.

En el modelo lineal general univariante, el contraste de hipótesis se basa en la hipótesis nula $LB = 0$, donde L es la matriz de coeficientes de contraste y B es el vector de parámetros. Cuando se especifica un contraste en el SPSS, se crea una matriz L en la que las columnas correspondientes al factor coinciden con el contraste. El resto de las columnas se corrigen para que la matriz L sea estimable.

Los resultados incluyen un estadístico F para cada conjunto de contrastes. Para el contraste de diferencias también se muestran los intervalos de confianza simultáneos de tipo Bonferroni basados en la distribución T de Student.

Los contrastes disponibles son de desviación, simples, de diferencias, de Helmert, repetidos y polinómicos. El contraste de desviación compara las medias de cada nivel (excepto una categoría de referencia) con la media de todos los niveles (gran media). Los niveles del factor

pueden estar en cualquier orden. El tipo de contraste simple compara la media de cada nivel a la media de un nivel especificado. Este tipo de contraste es útil cuando hay un grupo de control. Se puede seleccionar la primera o la última categoría como referencia. El contraste de diferencias compara la media de cada nivel (excepto el primero) a la media de los niveles previos. A veces se denominan contrastes de Helmert inversos. Los criterios de Helmert y repetidos comparan ambos la media de cada nivel del factor (excepto el último) a las medias de los niveles anteriores, aunque con fórmulas estadísticas ligeramente diferentes. Los contrastes de diferencias, de Helmert y repetidos son particularmente aplicables cuando los niveles del factor tienen un carácter ordinal y el primero o el último son de referencia. El contraste polinomial compara los efectos lineales, cuadráticos, cúbicos, etc. El primer grado de libertad contiene los efectos lineales a través de todas las categorías, el segundo grado de libertad los efectos cuadráticos, y así sucesivamente. Estos contrastes se usan frecuentemente para detectar tendencias polinomiales.

En los contrastes de desviación y los contrastes simples, es posible determinar en el *SPSS* que la categoría de referencia sea la primera o la última. Cuando se hace un contraste simple los resultados del *SPSS* se ofrecen en una matriz *K* para la cual se considera como referencia, la última categoría del factor donde se obtienen los valores mayores de la variable dependiente.

En el *SPSS* se pueden hacer ajustes para comparaciones con múltiples contrastes. Cuando se conforman tales test, hay un nivel de significación general que puede ser ajustado a partir de los niveles de significación de los contrastes incluidos. Se permite además seleccionar entre varios métodos de ajuste, no controla la probabilidad global de rechazar la hipótesis de que algunos de los contrastes lineales sean diferentes de los valores de la hipótesis nula. Bonferroni es capaz de ajustar el nivel de significación observado al hecho de que están probando múltiples contrastes.

Si se quieren hacer contrastes con varias variables dependientes analizadas conjuntamente, en el modelo lineal general multivariante, el contraste de hipótesis se basa en la hipótesis nula $LBM = 0$, donde *L* es la matriz de coeficientes de contraste, *M* es la matriz identidad, que tiene una dimensión igual al número de variables dependientes y *B* es el vector de parámetros. Cuando se especifica un tal contraste en el *SPSS* se crea una matriz *L* en la que las columnas correspondientes al factor coinciden con el contraste. Nuevamente, el resto de las columnas se corrigen para que la matriz *L* sea estimable. Se ofrece la prueba univariada que utiliza los estadísticos *F* y los intervalos de confianza simultáneos de tipo Bonferroni, basados en la distribución *T* de Student para las diferencias de contraste en todas las variables dependientes. También se ofrecen las pruebas multivariadas que utilizan los criterios de la traza de Pillai, la lambda de Wilks, la traza de Hotelling (generalización del *T*-test) y la mayor raíz de Roy. (Grau, 1994; Bernstein y Bernstein, 1998; Bernstein y Bernstein, 1999).

De manera análoga se formulan test de contrastes para modelos lineales generales con medidas repetidas. Las opciones MLG - multivariante y MLG - medidas repetidas sólo estarán disponibles en el *SPSS* si se tiene instalada la opción de modelos avanzados.

1.4.2.2. Análisis crítico de las pruebas post-hoc

El análisis de varianza (ANOVA) de primera vía, o de grupos independientes, tiene como prerequisite la independencia de los grupos, a diferencia del ANOVA de segunda vía o de muestras apareadas que supone la medición de una variable en la misma muestra en dos o más momentos. La independencia de los grupos es fácil de identificar por el diseño de la

investigación; pero el ANOVA clásico tiene otros prerequisites, en particular la normalidad de la variable que se compara entre los grupos y además la homogeneidad de varianzas.

Una vez que se ha determinado con un ANOVA que existen diferencias entre las tendencias centrales, los test de rangos y de comparación múltiple “par a par” pueden determinar cuáles grupos difieren e incluso a veces formar “grupos homogéneos”, que no son necesariamente disjuntos. Las comparaciones se hacen sobre valores no ajustados y para cada variable dependiente de forma separada.

La teoría estadística formula un conjunto amplio de test de rangos, donde normalmente separa los test válidos cuando las variables tienen o no homogeneidad de varianzas (Scheffé, 1999).

1.4.2.2.1. Sobre los test post hoc complementarios del ANOVA paramétrico

Resulta natural pensar que, para el análisis entre grupos, par a par, podría utilizarse el test de Student; pero con independencia de las posibles violaciones de los pre-requisitos, varios autores recriminan esta idea pues la aplicación reiterada de los test de Student en muchas comparaciones múltiples da lugar a diferencias significativas sobre estimadas (Grau, 1994). Por todo ello se introduce históricamente el concepto de diferencias “HONESTAMENTE SIGNIFICATIVAS” y se implementan disímiles test de rangos que se asemejan a Student pero difieren en la forma que determinan las diferencias entre un par de grupos, de manera que no excedan a cierto rango.

1.4.2.2.2. Test de rangos cuando hay homogeneidad de varianzas

Entre los más utilizados se encuentran: LSD, Bonferroni, Sidak, Scheffé, R-E-G-W F , R-E-G-W Q , S-N-K, Tukey, Tukey-b, Duncan, GT2 de Hochberg, Gabriel, Waller Duncan y Dunnett (con categoría de control).

Se utilizan frecuentemente los test de Bonferroni y Tukey para encontrar diferencias honestamente significativas entre grupos; por ejemplo, el test de Bonferroni continúa basándose en el estadígrafo T de Student, pero ajusta el nivel de la significación observada para hacer comparaciones múltiples.

El test t de Sidak también ajusta el nivel de significación y suministra contornos más estrechos que el test de Bonferroni. El test de Tukey de diferencias honestamente significativas usa el estadístico de rangos Studentizado para hacer las comparaciones por pares entre grupos y fija la razón de error para la colección en las comparaciones par a par. Cuando se prueba un número bastante grande de medias, el test de Tukey de diferencias honestamente significativas es más potente que el test de Bonferroni. Para un número pequeño de pares, el test de Bonferroni es más potente.

El test GT2 de Hochberg es similar al test de Tukey de diferencias honestamente significativas, pero utiliza el módulo máximo Studentizado. Usualmente el test de Tukey es más potente. El test de comparaciones par a par de Gabriel también usa el módulo máximo Studentizado y generalmente es más potente que el test GT2 de Hochbert cuando las medidas de las celdas son desiguales. El test de Gabriel es más liberal cuando las medidas de las celdas varían grandemente.

El test t de comparaciones múltiples par a par de Dunnett evalúa un conjunto de tratamientos contra una media singular de control. En los paquetes estadísticos la última categoría es por defecto la categoría de control; pero se puede seleccionar alternativamente como la primera categoría. Normalmente en los paquetes se puede también seleccionar entre un test bilateral o

unilateral. Para probar que la media en todos los niveles (excepto la categoría de control) difieren se usa un test bilateral. Pero con los test unilaterales se puede demostrar que las medias de todos los niveles del factor son menores (o alternativamente mayores) que la de la categoría de control.

Ryan, Einot, Gabriel, y Welsch (R-E-G-W) desarrollaron dos tests de rangos “descendentes por pasos” (R-E-G-W F y R-E-G-W Q). Estos procedimientos múltiples descendentes comparan primero si todas las medias son iguales, si no es así se compara la igualdad de subconjuntos de medias. R-E-G-W F se basa en un test F , mientras que R-E-G-W Q se basa en el rango Studentizado. Estos test son más potentes que el test de rangos múltiples de Duncan y el test de Student-Newman-Keuls (los cuales son también procedimientos descendentes por pasos), pero ellos no son recomendables cuando las medidas de las celdas son desiguales (diseños no equilibrados).

El test de rangos múltiple de Duncan, el test de Student-Newman-Keuls (S-N-K) y el test de Tukey-b son test que ranquean las medias de grupos y calculan un valor de rango. Ellos no se usan tan frecuentemente como los test discutidos previamente. En los últimos años se ha declarado prácticamente prohibitivo usar el test de Duncan en las tesis de Ciencias Agropecuarias, lo cual era anteriormente muy usual.

El test t de Waller-Duncan usa sin embargo una tendencia Bayesiana. Este test de rangos utiliza la media armónica del tamaño de la muestra cuando las medidas son desiguales. Por otra parte, el nivel de significación del test de Scheffé fue concebido para permitir todas las posibles combinaciones lineales de las medias de grupos, no solo las comparaciones par a par, disponibles en Waller-Duncan. El resultado es que el test de Scheffé es frecuentemente más conservador que otros test, en el sentido que requiere encontrar grandes diferencias entre las medias para declarar significación.

El test de la Mínima Diferencia Significativa (LSD) es una prueba de comparación múltiple par a par que es equivalente a varios test t individuales entre todos los pares de grupos. La desventaja de este test es que no intenta ajustar el nivel de significación observado de acuerdo a las comparaciones múltiples.

1.4.2.2.3. Test de rangos cuando no hay homogeneidad de varianzas

Los test de rangos más conocidos y utilizados cuando no hay homogeneidad de varianzas son: T2 de Yamhane, T3 de Dunnett, Games-Howell y C de Dunnett.

Cuando las varianzas son desiguales se puede utilizar el test T2 de Yamhane que es un test conservador para la comparación por pares y basado en test t . Se puede utilizar también el test T3 de Dunnett que basa la comparación múltiple en el módulo máximo Studentizado, o el test de comparación par a par de Games-Howell o el test C de Dunnett basado en rango Studentizado (Bernstein y Bernstein, 1999).

1.4.2.3. Los gráficos de perfil

Los gráficos de perfil (gráficos de interacción) sirven para comparar las medias marginales en el modelo. Un gráfico de perfil es un gráfico de líneas en el que cada punto indica la media marginal estimada de una variable dependiente (corregida respecto a las covariables) en un nivel de un factor. Los niveles de un segundo factor se pueden utilizar para generar líneas diferentes. Cada nivel en un tercer factor se puede utilizar para crear un gráfico diferente. Todos los factores fijos y aleatorios, si existen, están disponibles para los gráficos. Para los análisis

multivariantes, los gráficos de perfil se crean para cada variable dependiente. En un análisis de medidas repetidas, es posible utilizar tanto los factores inter-sujetos como los intra-sujetos en los gráficos de perfil. En el SPSS las opciones MLG - multivariante y MLG - medidas repetidas estarán disponibles si se tiene instalada la opción Modelos avanzados. En el SAS ("Statistical Analysis System"), al menos hasta la versión 6.12, los gráficos de perfil resultan "toscos" porque sus salidas son de texto.

Un gráfico de perfil de un factor muestra si las medias marginales estimadas aumentan o disminuyen a través de los niveles. Para dos o más factores, las líneas paralelas indican que no existe interacción entre los factores, lo que significa que se puede investigar los niveles de un único factor. Las líneas que se interceptan o al menos no son tan paralelas, indican una interacción.

1.4.3. El ANOVA no paramétrico

El ANOVA no paramétrico de primera vía es un análisis de varianza que trabaja sobre rangos y que no está condicionado a las hipótesis de normalidad y homogeneidad de varianzas del ANOVA paramétrico. Se discute en primer lugar el ANOVA no paramétrico de Kruskal-Wallis para un factor, que es clásico, y luego el ANOVA no paramétrico de dos o más factores, cuya concepción, tiene en Cuba, antecedentes de aplicación en las ramas agropecuarias solo en investigaciones previas del INIVIT.

La prueba U de Mann-Whitney (o su equivalente, conocida como prueba W de suma de rangos de Wilcoxon) es la más usada como alternativa no paramétrica del test paramétrico T de Student para comparar las medias de dos grupos independientes. El test U no exige normalidad ni homogeneidad de varianzas de las variables que se comparan entre los dos grupos, apenas que tengan un carácter ordinal (SPSS, 2009).

La prueba de las sumas de rangos de Wilcoxon se sostiene igualmente en un ranqueo inicial de las observaciones de los dos grupos y conduce a un estadístico W que compara las sumas de rangos entre ambos grupos; pero está demostrado matemáticamente que es totalmente equivalente a la prueba U de Mann-Whitney. De hecho, cuando se invoca esta prueba en paquetes como el SPSS, se reportan automáticamente ambos estadígrafos U y W con su significación común (Grau, 1994).

El test de Kruskal-Wallis es quizás la prueba de análisis de varianza no paramétrico más conocida. Es de hecho una generalización del test U de Mann-Whitney para k muestras o tratamientos. Este test tiene la libertad de que los volúmenes de las k muestras pueden ser diferentes y se denotan los n_j al volumen de la muestra j para $j=1,2,\dots,k$. Los datos de la muestra se estructuran de la misma manera y se hace un ranqueo de todos ellos desde 1 hasta $n_1 + n_2 + \dots + n_k$. En caso de empates, se resuelven como en el test de Mann-Whitney asignando a cada dato del empate, la media de los rangos de todos los rangos correspondientes.

Específicamente se asume que las observaciones iniciales u_{ij} se ajustan a una variable U por el modelo

$$U_{ij} = \mu + \tau_j + \varepsilon_{ij}$$

para todo $i=1,2,\dots, n_j$ y $j=1,2,\dots,k$. En este modelo μ es la media general, τ_j es el efecto del tratamiento j y ε_{ij} son los términos de error no observables desde una distribución desconocida pero idénticamente con una media 0. Todos los parámetros son desconocidos, pero sin pérdida de generalidad se puede asumir que:

$$\sum_{j=1}^k \tau_j = 0$$

La hipótesis nula sobre el no efecto del tratamiento puede ser establecida formalmente como:

$$H_0: \tau_1 = \tau_2 = \dots = \tau_k$$

El test de Kruskal-Wallis tiene una buena potencia frente a la hipótesis alternativa:

$$H_1: \exists_{j_1, j_2}: \tau_{j_1} \neq \tau_{j_2}$$

Nótese que esta hipótesis alternativa no especifica ningún orden de los tratamientos en términos de los incrementos de sus niveles de respuesta. La hipótesis alternativa es simplemente que los tratamientos son diferentes, no que un tratamiento específico exhibe mayor respuesta que otro. Si existiera un ordenamiento natural de tratamientos bajo la hipótesis alternativa, esto es, si se puede establecer a priori que los valores de τ_j están ordenados bajo la hipótesis alternativa, se puede utilizar una prueba más potente como pudiera ser el test de Jonckheere-Terpstra (Hollander y Wolfe, 1973).

La significación del test T de Kruskal-Wallis se calcula de acuerdo a una teoría general válida para muchas pruebas no paramétricas y esencialmente es la siguiente:

Sea W el conjunto de todos los posibles k rangos con n_j elementos en el grupo j , los miembros de los cuales incluyen w y todas sus permutaciones. La variable aleatoria $\bar{w}$ es una permutación de w si contiene precisamente los mismos rangos como w pero siempre arreglados de manera tal que para al menos un par (i, j) (i', j') los rangos w_{ij} y $w_{i'j'}$ están intercambiados. Formalmente

$$W = \{\bar{w} : \bar{w} = w, \text{ o } \bar{w} \text{ es una permutación de } w\}$$

Muchos test estadísticos no paramétricos son funciones univariadas de $\bar{w} \in W$. Se puede decir que el test estadístico es denotado en la forma $T(\bar{w}) \equiv T$ y que su valor observado es denotado por $t(w) \equiv t$. Lo que cambia en los diferentes test de hipótesis es la forma funcional de $T(\bar{w})$. Sin embargo, puede derivarse en general una discusión de la distribución nula de T y como se usa para cálculos de la significación.

Para probar la hipótesis nula H_0 se necesita, como en toda dócima, deducir la distribución de T bajo el supuesto que H_0 es cierta. La base general y fundamental es la siguiente:

Si H_0 es cierta, todos los miembros $\bar{w} \in W$ tienen la misma probabilidad de ser observados; entonces, según el argumento permutacional, la probabilidad exacta de observar cualquier $\bar{w} \in W$ es

$$h(\bar{w}) = \frac{\prod_{j=1}^k n_j!}{N!}$$

la cual no depende de la forma específica en que los rangos w fueran permutados. Entonces:

$$\Pr(T = t) = \sum_{T(\bar{w})=t} h(\bar{w})$$

donde la sumatoria se desarrolla sobre todo $\bar{w} \in W$. Similarmente, la cola derecha de la distribución de T se obtiene como

$$\Pr(T \geq t) = \sum_{T(\bar{w}) \geq t} h(\bar{w})$$

La distribución de probabilidad de T y sus áreas de cola se obtienen para varios test con pruebas exactas por algoritmos numéricos; pero si crece el volumen de las muestras estos cálculos son costosos computacionalmente, como ocurre en particular en el test de Kruskal-

Wallis. Entonces hay que conformarse con una aproximación asintótica de la significación, o mejor, con el cálculo de la misma usando técnicas de simulación de Monte Carlo.

El estadígrafo T de Kruskal-Wallis puede ser definido como:

$$T = \frac{12}{N(N+1) \left[1 - \frac{\lambda}{N^3 - N}\right]} \sum_{j=1}^k \frac{\left[\bar{w}_j - \frac{n_j(N+1)}{2}\right]^2}{n_j}$$

donde λ es un factor de corrección por ligaduras dado por:

$$\lambda = \sum_{i=1}^g (e_i^3 - e_i)$$

Finalmente, se puede evaluar el rango medio entre los k tratamientos y la posible significación aproximada usando una distribución Chi-cuadrado con $k-1$ grados de libertad.

Además de Kruskal-Wallis y Jonckheere-Terpstra, existen otras alternativas de ANOVA no paramétrico y entre ellas vale la pena mencionar el test de la Mediana para comparar ésta entre k grupos (Gibbons, 1985). Ella se usa también con bastante frecuencia en el caso de dos grupos, con solo limitarla a $k=2$ y de hecho, así puede constituir el test de rangos correspondiente.

Las versiones de paquetes avanzados de software estadístico más frecuentemente utilizados en Cuba, incluyendo el SPSS y el SAS, no tienen implementadas las posibilidades de hacer análisis de varianza multifactorial no paramétrico, y mucho menos, análisis de varianza multivariados y multifactoriales no paramétricos. Las alternativas clásicas para resolver problemas de este tipo se basan en el uso de Técnicas de Análisis de Datos Cualitativos (Categóricos). Si en particular la variable dependiente puede ser dicotomizada, o discretizada en categorías nominales, puede utilizarse la Regresión Logística Binaria o Multinomial que permite detectar efectos de factores principales o de interacciones. Cuando todas las variables predictivas son categóricas, se puede pensar en el uso de procedimientos como Loglinear o Probit del SPSS.

Sin embargo, en problemas que son relativamente simples se necesita un análisis de varianza de una variable prácticamente continua, con apenas dos factores en un diseño equilibrado, y las alternativas anteriormente mencionadas no producen resultados suficientemente buenos. Se regresa a la necesidad de hacer un análisis de varianza no paramétrico bifactorial, capaz de detectar la posible influencia de cada uno de los dos factores principales, así como su interacción.

Se ha resumido hasta ahora la comparación de muestras independientes, pero pueden ser necesarias comparaciones antes-después o incluso entre diferentes momentos, para las mismas se puede necesitar de comparaciones de muestras apareadas.

Entre los test de comparación de dos muestras apareadas o relacionadas, hay que mencionar en primer lugar el test de los signos, posiblemente la prueba más simple para una comparación antes-después (Sprent, 1993). Es digno de considerar el test de McNemar que se usa para comparar un cambio antes-después en una variable dicotómica, por ejemplo una opinión Si/No (Siegel y Castellan, 1988). Se usa también la comparación no paramétrica de dos muestras utilizando el test de homogeneidad marginal (Agresti, 1990) que constituye una extensión del test de McNemar de variables binarias, a variables multinomiales.

Entre los test de comparación de varias muestras apareadas, se destaca el ANOVA de segunda vía de Friedman (Lehmann, 1975) que es una generalización del test de Wilcoxon de signos ranqueados y que permite utilizar a éste como test de rangos por pares, además destaca también el test Q de Cochran como ANOVA de varias muestras relacionadas. Por otra parte, está el test W de Kendall, que es rigurosamente equivalente al test de Friedman según Conover (1980), pero se añade el valor y la interpretación de un coeficiente de concordancia, que es una medida muy popular de asociación o de comparación de criterios entre diferentes jueces.

1.5. El análisis de regresión

El análisis de regresión es una forma de establecer una relación entre una o más variables llamadas “independientes” $X_1, X_2, \dots, X_m$ y una variable “dependiente” Y , de la forma:

$Y = f(X_1, X_2, \dots, X_m) + \varepsilon$, donde f es cierta función y ε es un cierto error o residual. El término “independientes” se escribe entre comillas para esclarecer que no se pre-establece que estas variables sean independientes entre sí (pueden existir fuertes correlaciones entre ellas); más bien el término se refiere a su role respectivo a la variable dependiente Y cuya expresión funcional se desea encontrar.

En la teoría de la inferencia estadística la forma de la función f se fija *a priori por* conocimientos anteriores del investigador con ciertos parámetros desconocidos y ellos se precisan a partir de los datos de una muestra.

Entonces, se trata de precisar la función f que depende de ciertos parámetros a determinar, dígame $a_0, a_1, a_2, \dots, a_k$ a partir de las relaciones:

$$y_j = f_{a_0, a_1, a_2, \dots, a_k}(x_{1j}, x_{2j}, \dots, x_{mj}) + \varepsilon_j \quad j = 1, 2, \dots, p$$

y verificar que los errores ε_j cumplen ciertos requisitos para hacer válida la ecuación (Grau, 1994).

1.5.1. Regresión lineal simple

La regresión lineal procura una ecuación de la forma:

$$Y = a_0 + a_1 * X + \varepsilon$$

Esencialmente se trata de buscar una línea recta que aproxime un conjunto de puntos en el plano que muestren aparentemente una tendencia lineal. En esta se parte de una tabla donde haya una sola variable independiente ($m=1$) y se hipotetiza:

$$y_j = a_0 + a_1 x_j + \varepsilon_j \quad j=1, 2, \dots, p$$

Por otra parte, el llamado Método de los Mínimos Cuadrados consiste en estimar los coeficientes a_0 y a_1 , que minimicen la suma de cuadrados de los residuales; es decir que minimice:

$$\sum_{j=1}^p \varepsilon_j^2 = \sum_{j=1}^p (y_j - a_0 - a_1 x_j)^2$$

La minimización se logra con un procedimiento clásico de Análisis Matemático que consiste en primero buscar los valores críticos, calculando las derivadas parciales de primer orden de $F[a_0, a_1]$ e igualándolas a 0. Así se obtiene un sistema de dos ecuaciones con las incógnitas a_0 y a_1 , que son necesarias determinar para que F alcance un mínimo.

Después, con las derivadas parciales de segundo orden se puede verificar que esta solución conduce a un mínimo. Esto es una solución general en términos de cálculo simbólico. La solución teórica y práctica de problemas concretos exige verificar además ciertos requisitos que son necesarios para la validez de la regresión.

Con las estimaciones de a_0 y a_1 se debe hacer un análisis de varianza:

$$SCTot = SCReg + SCRes$$

donde ahora, la “suma de cuadrados total”, se descomponga en la “suma de cuadrados que explica la regresión” y la “suma de cuadrados de los residuales”.

Si se desea admitir la regresión, esto es, rechazar la hipótesis $H_0: a_1=0$, se verifica con un ANOVA que lo explicado por la regresión es mucho mayor que los residuales y ello se logra mediante un estadígrafo F , análogo con cuadrados medios: $F = \frac{MCreg}{MCres}$ que debe ser superior de manera significativa al valor 1 (Grau, 1994).

Este análisis puede ser complementado con el cálculo de R^2 y su valor ajustado; pero como se ha dicho anteriormente, estos estadígrafos no son por si mismos muy importantes, solo se deben utilizar para comparar dos posibles modelos y encontrar el mejor. En cambio, la validez de una regresión exige comprobar los requerimientos sobre los residuales, que no son triviales, y muchas veces se menosprecian por los usuarios.

Entre los pre-requisitos, uno de los más importantes es el de la normalidad de los residuales y la homogeneidad de varianzas a lo largo de los valores de la variable independiente. Este pre-requisito tiene que ser validado estadísticamente con una prueba de normalidad, que puede ser el test de Kolmogorov-Smirnov si se dispone de más de 100 datos o un test como el de Shapiro Wilks para muestras no mayores de 50 datos.

Para visualizar la normalidad de los residuales puede utilizarse también un gráfico $q-q$, que muestra los quantiles esperados de los residuales contra los quantiles observados. Si hay normalidad de los residuales, los puntos (q observado, q esperado) deben estar cerca de la diagonal del 1er-3er cuadrante (q observado = q esperado).

La homogeneidad de varianzas puede comprobarse estadísticamente con un test como el que se comentó para el ANOVA. La violación de este pre-requisito es algunas veces detectable gráficamente sin necesidad de pruebas estadísticas, y además pueden hacer sugerencias al investigador.

Otro requisito importante es que los residuales tienen que ser independientes de las observaciones y además independientes entre sí, esto es, no estar auto-correlacionados. La necesidad de la independencia de los residuales respecto a las observaciones es obvia para un modelo estadístico, suele ser previamente concebida por el investigador y en última instancia puede verificarse a posteriori con un simple análisis de correlación con cualquier paquete estadístico donde se haga la regresión y se conserven los residuales.

La no auto-correlación de los residuales puede probarse estadísticamente con un llamado test D de Durbin-Watson y que es reportado por los paquetes. Para concluir que no hay auto-correlación el valor del estadígrafo D no debe estar muy lejos de dos. Existe también un test de Box-Ljung que busca auto-correlaciones no solo de orden 1, sino superior: 2, 3, 4, y hasta auto-correlaciones estacionales, pero este es más importante en estudios de series cronológicas.

Por otra parte, la regresión lineal simple brinda posibilidades de predicción, o más bien interpolación. Resulta que las predicciones con una recta de regresión no ajustan a rectas por encima o por debajo de la regresión, sino que con curvas que van ampliando en la medida que los valores de la variable independiente se separan de la media de estos valores según los datos. Como consecuencia, la regresión puede ser útil para interpolar sólo valores cercanos a la media de la variable independiente (Grau, 1994).

1.5.2. Regresión lineal múltiple

En este caso se trabaja con m variables independientes y se busca una ecuación de la forma

$$Y = a_0 + a_1 * X_1 + a_2 * X_2 + \dots + a_m * X_m + \varepsilon$$

a partir de una tabla o matriz de datos $p \times (m+1)$.

En esencia se hipotetiza que:

$$y_j = a_0 + a_1 x_{1j} + a_2 x_{2j} + \dots + a_m x_{mj} + \varepsilon_j \quad j=1, 2, \dots, p$$

y los coeficientes se buscan de nuevo por el Método de los Mínimos Cuadrados, en este caso minimizando:

$$\sum_{j=1}^p \varepsilon_j^2 = \sum_{j=1}^p (y_j - a_0 - a_1 x_{1j} - a_2 x_{2j} - \dots - a_m x_{mj})^2$$

Se define la función a optimizar en el *Mathematica*, por ejemplo, para tres variables:

$$F[a0_ , a1_ , a2_ , a3_] = \sum_{j=1}^p (y_j - a0 - a1 x_{1j} - a2 x_{2j} - a3 x_{3j})^2$$

Luego se calculan las derivadas parciales respecto a a_0, a_1, a_2, a_3 , y se igualan a cero para formar un sistema de ecuaciones con las 4 incógnitas. Se resuelve, para encontrar las ecuaciones normales de la regresión para a_0, a_1, a_2, a_3 y finalmente se utilizan las derivadas parciales de segundo orden para comprobar que los valores obtenidos constituyen efectivamente un mínimo para la función F de los parámetros.

El análisis de regresión lineal múltiple es como una generalización natural del análisis de regresión lineal simple. Para cada una de las variables de la ecuación x_0, x_1, x_2, x_3 se muestran: los estimados de sus coeficientes a_0, a_1, a_2, a_3 con su error estándar y el estadístico T y su significación. Se realiza un ANOVA que compara las medias cuadráticas explicadas por la regresión y la media cuadrática de los residuales, así como el estadígrafo F correspondiente y su significación. Normalmente los paquetes calculan además el coeficiente de determinación R^2 y un valor de R^2 ajustado, así como un test de Durbin-Watson, para medir la posible auto-correlación de los residuales.

Como en el análisis de regresión lineal simple, ni el valor del estadígrafo F ni su significación, ni los valores de R^2 son indicadores definitivos de la validez estadística de la regresión, es necesario comprobar que se cumplen los pre-requisitos sobre los residuales.

La normalidad de los residuales, que puede apreciarse gráficamente con un gráfico que plotee éstos contra la variable dependiente, o con un gráfico $q-q$ que muestre el ajuste de los quantiles observados respecto a los esperados, si se supone que tienen distribución normal. Puede y deben probarse además test estadísticos de normalidad como el test de Kolmogorov-Smirnov, cuando hay más de 100 residuales, u otro test admisible para muestras más pequeñas.

La independencia de los residuales de cada una de las variables independientes, o en su conjunto, de la variable dependiente se puede visualizar con diferentes gráficos y en muchos casos es suficiente el gráfico de los residuales estandarizados respecto a la variable dependiente. Se pueden añadir estudios clásicos de correlación para mostrar que estas son significativas.

La no existencia de auto-correlación de los residuales obtenida gráficamente, se podría plotear respecto a la variable dependiente, en el mismo orden que aparecen en la muestra; pero esto solo puede sugerir un cambio del modelo, o simplemente un cambio del orden de los datos. Lo mejor es utilizar el estadígrafo de Durbin-Watson.

El procedimiento de la regresión lineal múltiple tiene un aspecto que no está presente en la regresión lineal simple. Se trata de introducir variables en la ecuación, de diferentes modos: entrada de todas, hacia delante, hacia atrás y paso a paso.

Es importante comprender que estos métodos no tienen que conducir a la misma ecuación. De hecho, la regresión lineal múltiple de un conjunto de datos no conduce a una regresión única y es necesario comparar los resultados, por ejemplo, con el coeficiente de determinación (Grau, 1994).

1.5.3. Regresión Curvilínea

Bajo este término se identifican un conjunto de modelos de regresión de una variable independiente, que convencionalmente se denomina t ; son esencialmente modelos no lineales, pero mediante ciertas transformaciones elementales pueden reducirse a regresiones lineales múltiples (Moré, 1977). Se citan los siguientes, todos ellos implementados en el SPSS, el SAS y otros paquetes matemáticos:

Logarítmico (Logarithmic):

$$Y = a_0 + a_1 \ln(t)$$

Se reduce a un modelo de regresión lineal simple haciendo el cambio de variable $\ln(t)=T$.

Inversa (Inverse):

$$Y = a_0 + \frac{a_1}{t}$$

Se reduce a un modelo de regresión lineal simple haciendo el cambio de variable $1/t=T$.

Cuadrática (Quadratic):

$$Y = a_0 + a_1 t + a_2 t^2$$

Se reduce a un modelo de regresión lineal en dos variables, tomando $x_1=t$ y $x_2=t^2$.

Cúbico (Cubic):

$$Y = a_0 + a_1 t + a_2 t^2 + a_3 t^3$$

Se reduce a un modelo de regresión lineal múltiple con tres variables, tomando $x_1=t$, $x_2=t^2$ y $x_3=t^3$.

Compound:

$$Y = a_0 a_1^t$$

Se reduce a un modelo de regresión lineal simple, aplicando logaritmos, y tomando $Z=\log(Y)$. $A_0=\log(a_0)$ y $A_1=\log(a_1)$.

Power:

$$Y = a_0 t^{a_1}$$

Se reduce a un modelo de regresión lineal simple, aplicando logaritmos, y tomando $Z=\log(Y)$. $A_0=\log(a_0)$ y $T=\log(t)$.

S:

$$Y = \exp(a_0 + \frac{a_1}{t})$$

Se convierte en un modelo de regresión lineal simple, aplicando logaritmos y tomando $Z=\log(Y)$ y $T=1/t$.

Exponencial (Exponential):

$$Y = a_0 \exp(a_1 t)$$

Se convierte en un modelo de regresión lineal simple, aplicando logaritmos y tomando $Z=\log(Y)$ y $A_0=\log(a_0)$.

1.6. Consideraciones generales del capítulo

Una vez elaborado el marco teórico se puede considerar que para el análisis de este tipo de investigación resulta lo más importante el análisis de varianza con todos sus complementos. Además se realizó una revisión sobre los modelos de regresión como la alternativa más fuerte del ANOVA y que a su vez puedan brindar una mejor respuesta a la necesidad de determinar el punto de corte donde se igualen las variables que se evaluarán en las plantas de yuca producidas por técnicas biotecnológicas con las que se propagan por el método tradicional.

Capítulo 2: Descripción del proceder matemático que permita determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos

En este capítulo se describe la ubicación y condiciones edafoclimáticas para el desarrollo del experimento en el cultivo de la yuca. Se describen los clones a utilizar. Se puntualiza el diseño experimental empleado para la obtención de los datos y se definen las variables cuantitativas evaluadas. Se resumen los aspectos necesarios, desde el punto de vista teórico, que se emplearon en la elaboración del proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

2.1. Ubicación del experimento para la toma de datos

El presente trabajo se realizó durante el período comprendido entre enero de 2010 y enero de 2015, en áreas experimentales del Instituto de Investigaciones en Viandas Tropicales (INIVIT), ubicado en el municipio de Santo Domingo, provincia Villa Clara. Este centro se encuentra situado en los 22° 35' de latitud norte y los 80° 18' de longitud oeste, a 40 metros sobre el nivel del mar (msnm) y ocupa un área experimental de 166 hectáreas. Desde el punto de vista climático, se caracteriza por una temperatura media anual de 24,4°C, una humedad relativa del 80% y un valor medio anual de precipitaciones de 1347,9 mm (Morales *et al.*, 2013).

2.2. Descripción de los clones estudiados

Se utilizaron dos genotipos procedentes del banco de germoplasma cubano de yuca:

1. Clon 'CMC-76': Genotipo promisorio para la agricultura cubana que fue introducido del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), ubicado en Colombia. Posee tallos de color castaño claro y raíces de color externo castaño claro. La planta es medianamente ramificada y su ciclo de cosecha es a partir de los 10 meses. Posee buena calidad culinaria (Medero, 2006).



'CMC-76' a los 8 meses de la plantación

2. Clon 'CEMSA 74-725': Genotipo comercial que forma parte de la estrategia clonal cubana para producir yuca los 12 meses del año. Híbrido obtenido por el programa de mejoramiento genético del INIVIT. Presenta tallos con color externo cenizo o gris y raíces de color externo blanco o crema. La planta es de porte poco ramificado y con ciclo de cosecha a partir de los 10 meses. Su calidad culinaria es buena (MINAG, 2012).



'CEMSA 74-725' a los 8 meses de la plantación

2.3. Diseño experimental y plantación en campo

Este experimento tuvo como objetivo evaluar los caracteres cuantitativos que permitieran calcular la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en las plantas de yuca regeneradas por embriogénesis somática y organogénesis. Se utilizaron, como variantes experimentales, plantas propagadas por el método tradicional (estacas), plantas producidas *in vitro* por organogénesis y procedentes de embriones somáticos, según metodología propuesta por Medero, (2006).

Las plántulas procedentes de ambos métodos de regeneración de los clones 'CMC-76' y 'CEMSA 74-725' con una altura promedio entre 6,0-12 cm, se trasplantaron a condiciones de campo con el auxilio de una paletilla preparada para ese fin y se colocaron sobre la parte alta del cantero. Para las plantas del método tradicional se utilizaron, como material de plantación, estacas de 20 cm de longitud, con siete o nueve yemas, obtenidas de tallos primarios. En las plantas procedentes de los métodos biotecnológicos a partir del segundo ciclo de cultivo, se procedió de igual forma que en el método tradicional.

La plantación se realizó en un diseño de Bloques al Azar y con tres repeticiones, sobre un suelo Pardo Sialítico Cálcico Carbonatado (Hernández *et al.*, 2015); las parcelas quedaron formadas por cinco surcos de 10 metros de largo, donde se evaluaron cinco plantas al azar, de los tres surcos centrales. La distancia de plantación para el clon 'CMC-76' fue de 0,90 m x 1,10 m y para el clon 'CEMSA 74-725' de 0,90 m x 0,90 m. Las labores de cultivo y el control de plagas y enfermedades se realizaron según las recomendaciones del Instructivo Técnico de la Yuca (MINAG, 2012). Las evaluaciones se realizaron a los 12 meses de la plantación, durante cinco ciclos de cultivo en campo.

2.4. Descripción del proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos

El proceder matemático se conforma por las siguientes etapas:

1. Selección de las variables a evaluar.
2. Recopilación de los datos.
3. Procesamiento estadístico de los datos.
4. Establecimiento de los modelos matemáticos para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos.

2.4.1. Selección de las variables a evaluar

Las variables a evaluar se seleccionaron según la Lista de Descriptores para la Caracterización Morfoagronómica de la Yuca (Fukuda y Guevara, 1998). De los 43 descriptores que aparecen en dicha lista para la caracterización de esta especie, fueron seleccionados 5 caracteres cuantitativos: Altura de la planta (cm), Altura a la primera ramificación (cm), Número de estacas por planta, Número de raíces comerciales por planta y Rendimiento por planta (kg), ya que son los de mayor contribución a la respuesta agronómica de este cultivo y así poder obtener una satisfactoria respuesta por la unidad de área (Medero, 2006).

2.4.2. Recopilación de los datos

Los cinco descriptores cuantitativos seleccionados se evaluaron de la forma siguiente:

1. Altura de la planta (cm): Se realizó con el auxilio de una regla graduada y se midió desde la base del tallo hasta la parte superior del follaje.

2. Altura a la primera ramificación (cm): Se procedió de igual forma que para la altura de la planta, pero se midió hasta el primer punto de bifurcación del tallo.
3. Número de estacas por planta: Se contó el número de estacas, de 20 cm de longitud, posibles a obtener de los tallos primarios y las ramas secundarias.
4. Número de raíces comerciales por planta: En el momento de la cosecha se contaron las raíces sanas y con posibilidades de comercialización.
5. Rendimiento por planta (kg): Se pesaron las raíces comerciales con el empleo de una balanza de plato.

2.4.3. Procesamiento estadístico de los datos

En formato .xls se preparó la base de datos para el análisis de la respuesta en campo de las plantas regeneradas por embriogénesis somática y organogénesis, así como las de estacas del método tradicional, la cual quedó formada por las evaluaciones de los cinco caracteres cuantitativos durante cinco ciclos del cultivo.

Las variables evaluadas dentro de la tabla de datos fueron: Altura de la planta (cm); Altura a la primera ramificación (cm); Número de estacas por planta; Número de raíces comerciales por planta y Rendimiento por planta (kg), siendo dichas plantas las unidades experimentales. En estas intervienen tres factores: Ciclo, que presenta 5 niveles: 1-5; Clon, con dos niveles: 1- Clon 'CMC-76' y 2- 'CEMSA 74-725' y Método de propagación, con 3 niveles: 1-Tradicional, 2- Organogénesis y 3-Embriogénesis somática. Los niveles de los factores han sido fijados por el experimentador, por lo que todos los factores son de efectos fijos. La muestra se compuso de 5 mediciones para cada una de las combinaciones de 5 ciclos, 2 clones y 3 métodos de propagación, en total $5 \times 2 \times 3 \times 5 = 150$ datos.

Para realizar este procesamiento se empleó el paquete estadístico: SPSS para Windows versión 15.0, con la siguiente especificidad para las variables:

- Nombre: Ciclo; Tipo: Numérico; Anchura: 7; Decimales: 1; Medida: Ordinal.
- Nombre: Clon; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 0; Valores: {1, CMC-76; 2, CEMSA 74-725}; Medida: Nominal
- Nombre: MetPro; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 0; Valores: {1, Tradicional; 2, Organogénesis; 3, Embriogénesis} Medida: Nominal.
- Nombre: Altura; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 1; Medida: Escala
- Nombre: Primraf; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 1; Medida: Escala.
- Nombre: Nestpla; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 1; Medida: Escala.
- Nombre: Nraizpla; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 1; Medida: Escala.
- Nombre: Rendpla; Tipo: Numérico; Anchura: 8; Decimales: 1; Medida: Escala.

Los datos de los caracteres cuantitativos obtenidos se procesaron mediante un análisis de varianza, que incluyó los factores evaluados: ciclo de cultivo, clon, y método de propagación, los resultados arrojaron relaciones bifactoriales: Ciclo*Clon, Ciclo*Método de propagación y Clon*Método de propagación los cuales se evidencian claramente en el análisis.

Los paquetes estadísticos como el SPSS suelen incluir como opciones del ANOVA un test de Levene para verificar la homogeneidad de varianzas. Se puede incluso implementar un test más fuerte, como el test de Bartlett, válido también en situaciones multivariadas y en la regresión.

Sin embargo, en la presente investigación no se presta atención a este prerequisite de homogeneidad de varianzas porque está demostrado que la distribución de F es menos sensible a la falta de homogeneidad de varianzas, especialmente cuando el diseño es equilibrado, como en el caso que nos ocupa.

Para resolver los contrastes simples se realizará de forma independiente el análisis en el Modelo Lineal General Univariante para cada una de las variables. Los resultados del SPSS se ofrecen en una matriz K para la cual se considerará como referencia, la última categoría del factor donde se obtienen los valores mayores de la variable dependiente.

Al existir diferencias entre las tendencias centrales, se realizarán los test de rangos y de comparación múltiple “par a par” para determinar cuáles grupos difieren e incluso a veces formar “grupos homogéneos”, que no son necesariamente disjuntos. Las comparaciones se hacen sobre valores no ajustados y para cada variable dependiente de forma separada.

Atendiendo a las consideraciones anteriores y a la historia de las investigaciones del INIVIT, se aplicará posteriormente el test S-N-K o Tukey B y se revisarán algunos de los resultados con el test Dunnett’s C, que no está condicionado por la homogeneidad de varianzas.

Posteriormente se realizará el procedimiento ANOVA de la variable dependiente y los dos factores. Como dos de los factores tienen más de dos niveles se solicitan los test Post-Hoc. Se analizarán los gráficos de perfil, los cuales muestran si las medias marginales estimadas aumentan o disminuyen a través de los niveles.

Se describirán los resultados teniendo en cuenta que las líneas paralelas indican que no existe interacción entre los factores, lo que significa que se puede investigar los niveles de un único factor. Las líneas que se interceptan o al menos no son tan paralelas indican una interacción. Los mismos se utilizarán como preámbulos de los test no paramétricos.

Se completarán los cálculos de la suma de los cuadrados y sus grados de libertad para calcular en el *Mathematica* los estadísticos H del ANOVA no paramétrico y su significación. Los resultados obtenidos ratifican o no, la significación de los modelos obtenidos anteriormente en el ANOVA paramétrico. Se obtendrá una nueva tabla, en la cual se interpretarán y visualizarán los resultados.

Los resultados de los procedimientos realizados demostrarán una relación entre los factores involucrados. El impacto de los factores correlacionados es la base para utilizar los modelos de regresión. Estos introducen los factores de forma secuencial basados en su capacidad adicional de predicción sobre las variables en el modelo.

2.4.4. Establecimiento de los modelos matemáticos para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos

Después de especificados los objetivos del análisis, seleccionado las variables dependientes e independientes y comprobadas las condiciones de aplicabilidad de los modelos de regresión, se procederá a estimar el modelo para cada variable involucrada y establecer la bondad del mismo. Además, a partir de los resultados obtenidos en la respuesta de los caracteres cuantitativos, se trabajará con el objetivo de conocer la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento que se induce al aplicar métodos biotecnológicos (o sea, definir el ciclo de cultivo donde la respuesta de las variables evaluadas en las plantas procedentes de los métodos biotecnológicos (embriogénesis somática y organogénesis) se iguala a las del método tradicional).

Por otra parte, para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento, debido a la interacción significativa entre ciclo, clon y método de propagación, se ajustarán separadamente regresiones no lineales para cada clon y cada método. El ciclo de cultivo en campo, en el cual el método de propagación *in vitro* (organogénesis o embriogénesis) iguala al método tradicional respecto a los caracteres cuantitativos evaluados se estimará igualando las dos ecuaciones respectivas de los métodos para cada clon. Se procederá a encontrar los ceros de la diferencia de las ecuaciones.

Para la determinación de la igualdad se utilizarán fórmulas matemáticas simples en los casos que se trata de ecuaciones cuadráticas y fórmulas más complicadas cuando hay polinomios de grado superior, exponenciales y expresiones gaussianas, por lo que se utilizará para su procesamiento el paquete *Mathematica*.

Una vez estimado el modelo para cada variable y llevados a cabo los diagnósticos que confirman la validez de los resultados al estimar nuevos modelos sobre la muestra, se procederá a escribir la ecuación de regresión de mejor ajuste para cada caso. Los coeficientes de regresión permitirán establecer la importancia relativa de las variables individuales para predecir la variable dependiente. Se dará respuesta a la pregunta de la investigación, al determinar el punto de corte o igualdad entre los nuevos métodos de propagación con respecto al método tradicional.

2.5. Conclusiones parciales del capítulo

Teniendo en cuenta el objetivo de la presente investigación y después de fundamentar matemáticamente el trabajo a realizar se puede concluir que las ecuaciones de regresión de las diferentes variables en relación a los ciclos permitirán pronosticar estadísticamente el momento donde se igualan las variables de interés y así poder determinar el punto de corte entre las plantas producidas por técnicas biotecnológicas y las propagadas por el método tradicional.

Capítulo 3: Aplicación del proceder matemático para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos

En este capítulo se presentan los resultados relacionados con la aplicación del proceder matemático para la determinación de la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos sobre la base de un conjunto de variables que caracterizan las respuestas de las plantas producidas *in vitro* y las producidas por el método tradicional, siguiendo los pasos expuestos en el capítulo anterior.

3.1. Selección de las variables a evaluar

Las variables seleccionadas fueron avaladas por los experimentadores y se consideran representativas para determinar el momento donde se iguala la respuesta en campo de las plantas producidas por métodos biotecnológicos a las del método tradicional.

3.2. Recopilación de los datos

En la presente investigación se trabajó con todos los datos recopilados en el INIVIT, en el periodo 2010-2015, es decir, durante cinco ciclos en campo del cultivo de la yuca. Los mismos se corresponden con los resultados de las variables definidas y están contenidos en una base de datos con formato .xls.

En el Anexo 1, se puede observar la estructura de la muestra en función de los tres factores que se consideran, que forman, como se especificó en el capítulo anterior, $5 \times 2 \times 3 = 30$ combinaciones. Se tienen 5 réplicas de cada una y por tanto 150 datos. Por lo tanto, el diseño es completamente equilibrado respecto a cada uno de los factores y sus interacciones.

3.3. Procesamiento estadístico de los datos

En este epígrafe se exponen los procesamientos estadísticos realizados sobre la base de datos para cada una de las variables establecidas.

3.3.1. Altura de la planta (cm)

El análisis descriptivo de la variable: Altura de la planta según el comportamiento en campo, por los tres factores se muestra en el Anexo 2. En general, puede apreciarse que cuando se usa el método de propagación tradicional, existe una cierta tendencia central al decrecimiento de la altura de la planta cuando el ciclo varía entre 1 y 5. Con los nuevos métodos de propagación se obtienen alturas superiores a lo tradicional, incluso ligeramente mayores cuando se utilizan plantas provenientes del método de regeneración por embriogénesis somática.

Al realizar el análisis de varianza paramétrico de la Altura de la planta (Anexo 3), para las pruebas de los efectos inter-sujetos se obtienen los resultados respecto a los tres factores y las interacciones de segundo orden. Se destaca que hay influencia significativa de las interacciones Ciclo*Clon y Ciclo*MetPro (ambas con significación 0,000), se observa que la interacción Clon*MetPro no tiene significación (0,129). El modelo en general es altamente significativo y tiene un R cuadrado corregida de 0,999. Se muestran los resultados del contraste (matriz K) entre los tres niveles de método de propagación utilizándose como categoría de referencia el

nivel 3 (método de propagación de embriogénesis somática) pues es el que presenta valores mayores de la altura. La comparación Nivel1-Nivel3 (Tradicional-Embriogénesis) muestra diferencias negativas notables: -17,930 cm con intervalo de confianza 95%: (-20,678; -15,182). La comparación Nivel2-Nivel3 (Organogénesis-Embriogénesis) muestra también diferencias significativas, aunque menos notables: -7,068 cm con intervalo de confianza 95%: (-9,816; -4,320). En resumen, los resultados generales muestran que el test de contraste fue altamente significativo (significación 0,000).

Se realizan entonces las pruebas post-hoc para la Altura de la planta (Anexo 4), utilizándose el test C de Dunnett, que es libre de la hipótesis de homogeneidad de varianzas, para realizar las comparaciones múltiples por ciclos. Se observan diferencias que resultan significativas al nivel del 5%; están claras las diferencias en la altura en cada ciclo con respecto al siguiente, pero se aprecia que no hay diferencias marcadas entre el ciclo 4 y 5, lo que alienta la esperanza de que cuatro ciclos pudieran ser suficientes para igualar las tendencias de la altura. Sin embargo, al realizar la prueba de rangos de Student-Newman-Keuls (o indistintamente Tukey B), los ciclos 4 y 5 se diferencian; el ciclo 4 se asemeja al 1 y los ciclos 2 y 3 forman parte de un mismo subconjunto homogéneo.

De igual forma se realizan las comparaciones múltiples entre los métodos de propagación. Se aprecian diferencias significativas entre el método tradicional y cada uno de los dos nuevos métodos: organogénesis y embriogénesis; pero no entre estos dos últimos. Sin embargo, los test de Student-Newman-Keuls y de Tukey B ubican a los tres métodos en subconjuntos distintos.

Se realiza posteriormente un análisis de varianza no paramétrico, mostrándose los resultados en las Tablas 1, 2 y 3, por cada una de las tres combinaciones bifactoriales de Ciclo, Clon y Método de propagación. Para el mismo, como se estableció en la metodología, primero se hace con el SPSS un ANOVA paramétrico de la altura ranqueada y luego se utilizan las sumas de cuadrados y sus grados de libertad para calcular con el *Mathematica*, los estadísticos H del ANOVA no paramétrico y su significación.

En la Tabla 1 en particular, se realiza el análisis bifactorial Ciclo*Clon. La Sub-tabla 1a muestra el análisis paramétrico de los rangos de la altura total de la planta y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y Clon y de su interacción, todos ellos significativos, aunque lo esencial es la significación de la interacción Ciclo*Clon. El gráfico de perfil (Figura 1), muestra las medias marginales estimadas de los rangos de la altura y ofrece valores superiores para el Clon 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725'. En la Sub-tabla 1b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico y se ratifica que lo más significativo es la interacción Ciclo*Clon. La Sub-tabla 1c, ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas de la altura. Obsérvese, que la diferencia entre los clones se acentúa en los ciclos 2, 3 y particularmente el 4.

Tabla 1. ANOVA bifactorial (Ciclo*Clon) de carácter paramétrico para la altura ranqueada y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 1a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos de Altura

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	1041616,033(a)	10	104161,603	155,597	,000
Ciclo	81787,133	4	20446,783	30,543	,000
Clon	93650,027	1	93650,027	139,895	,000
Ciclo*Clon	11141,373	4	2785,343	4,161	,003
Error	93720,467	140	669,432		
Total	1135336,500	150			

a. R cuadrado = ,917 (R cuadrado corregida = ,912)

Medias marginales estimadas de Rangos de Altura

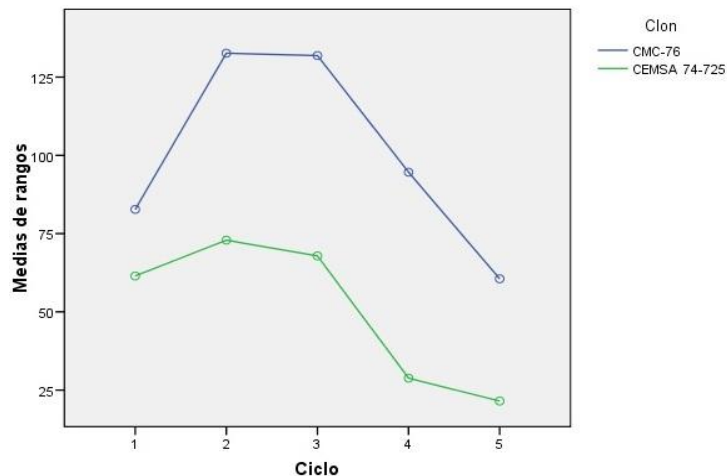


Figura 1. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*Clon

Sub-tabla 1b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Significación
Ciclo	384.881	0.000
Clon	440.707	0.000
Ciclo*Clon	52.430	1.121×10^{-10}

Sub-tabla 1c. Influencia de la interacción Ciclo*Clon sobre la mediana de la altura ranqueada

		Clon					
		CMC-76		CEMSA 74-725		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos de Altura	Ciclo 1	15	81,0	15	59,5	30	71,75
	Ciclo 2	15	136,0	15	90,5	30	108,75
	Ciclo 3	15	135,0	15	75,5	30	108,75
	Ciclo 4	15	106,0	15	30,0	30	49,00
	Ciclo 5	15	49,0	15	17,5	30	30,00

Por otra parte, en la Tabla 2 se muestra el análisis bifactorial Ciclo*MetPro. La Sub-tabla 2a, muestra el análisis paramétrico de los rangos de la altura y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y MetPro y de su interacción, todos ellos significativos, aunque lo esencial es la significación de la interacción Ciclo*MetPro. El gráfico de perfil (Figura 2), muestra las medias marginales estimadas de los rangos de la altura y evidencia valores superiores para el Método de propagación de embriogénesis somática. En la Sub-tabla 2b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico. Resulta interesante la alta significación del método de propagación; pero ella se apaga porque la interacción Ciclo*MetPro es altamente significativa. La Sub-tabla 2c, ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas de la altura ranqueada. Obsérvese, que en el ciclo 1 el valor mínimo de la mediana se alcanza con organogénesis, mientras que los métodos tradicionales y de embriogénesis somática muestran medianas similares; sin embargo, en los ciclos siguientes, particularmente el 2 y el 3 los nuevos métodos de propagación muestran valores muy superiores al tradicional destacándose la embriogénesis somática, a veces ligeramente, como en los ciclos 2 y 3, pero la diferencia es más acentuada en los ciclos 4 y 5.

Tabla 2. ANOVA bifactorial (Ciclo*Método de propagación) de carácter paramétrico para la altura ranqueada y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 2a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos de Altura

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	Gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	986613,850(a)	15	65774,257	59,705	,000
Ciclo	81787,133	4	20446,783	18,560	,000
MetPro	32991,790	2	16495,895	14,974	,000
Ciclo*MetPro	16797,427	8	2099,678	1,906	,064
Error	148722,650	135	1101,649		
Total	1135336,500	150			

a R cuadrado = ,869 (R cuadrado corregida = ,854)

Medias marginales estimadas de Rangos de Altura

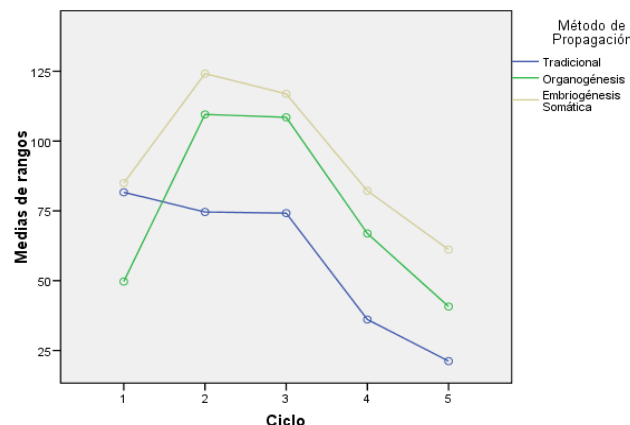


Figura 2. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*MetPro

Sub-tabla 2b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	172.183	0.000
Met.Prop.	69.456	7.772×10^{-16}
Ciclo*Met.Prop.	35.363	0.000

Sub-tabla 2c. Influencia de la interacción Ciclo*MetPro sobre la mediana de la altura ranqueada

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
	Ciclo	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos de Altura	Ciclo 1	10	83,00	10	49,00	10	83,50	30	71,75
	Ciclo 2	10	87,00	10	119,50	10	126,00	30	108,75
	Ciclo 3	10	69,75	10	121,25	10	123,50	30	108,75
	Ciclo 4	10	30,00	10	62,25	10	87,00	30	49,00
	Ciclo 5	10	13,25	10	30,00	10	58,50	30	30,00

En la Tabla 3, se muestran los resultados de realizar el análisis bifactorial Clon*MetPro. La Sub-tabla 3a, muestra el análisis paramétrico de los rangos de la altura y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Clon y MetPro y de su interacción, todos ellos significativos, aunque lo esencial es la significación de la interacción Clon*MetPro. El gráfico de perfil (Figura 3) muestra las medias marginales estimadas de los rangos de la altura y evidencia valores superiores para el cultivar 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725'. Aparentemente no hay interacciones; pero en la Sub-tabla 3b, se demuestra que desde el punto de vista no paramétrico la interacción Clon*MetPro es altamente significativa, y por tanto esta interacción sigue siendo lo más importante. Una vez más se ilustra en la Sub-tabla 3c, la influencia de esta interacción a partir de las medianas de la altura ranqueada. Obsérvese, que en la cultivar 'CMC-76' las medianas son bastante similares en los tres métodos de propagación; sin embargo, para la cultivar 'CEMSA 74-725' se alcanzan valores medianos de la altura ranqueada similares a los de la muestra total cuando se trabaja con datos del método de propagación de organogénesis: pero son inferiores en el caso del método tradicional y bastante superiores en el caso de la embriogénesis somática.

Tabla 3. ANOVA bifactorial (Clon*Método de propagación) de carácter paramétrico para la altura ranqueada y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 3a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos de Altura

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	Gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	983299,980(a)	6	163883,330	155,221	,000
Clon	93650,027	1	93650,027	88,700	,000
MetPro	32991,790	2	16495,895	15,624	,000
Clon*MetPro	1620,663	2	810,332	,767	,466
Error	152036,520	144	1055,809		
Total	1135336,500	150			

a R cuadrado = ,866 (R cuadrado corregida = ,861)

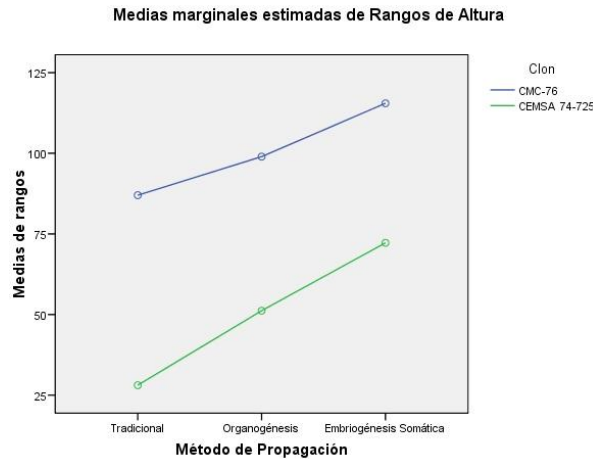


Figura 3. Gráfico de perfil para la relación Clon*MetPro

Sub-tabla 3b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Clon	1208.387	0.000
Met.Prop.	425.701	0.000
Clon*Met.Prop.	20.912	0.000

Sub-tabla 3c. Influencia de la interacción Clon*MetPro sobre la mediana de la altura ranqueada

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos de Altura	Clon CMC-76	25	98,000	25	116,000	25	116,000	75	106,000
	Clon CEMSA 74-725	25	17,500	25	49,000	25	81,000	75	49,000

3.3.2. Altura de la primera ramificación (cm)

El análisis descriptivo de la variable: Altura de la primera ramificación según el comportamiento en campo, por los tres factores se muestra en el Anexo 5. Como tendencia general, puede apreciarse que cuando se utilizan los nuevos métodos de propagación (organogénesis y embriogénesis somática) hay una respuesta decreciente, mientras que cuando se usan los datos del método de propagación tradicional, aparecen varias oscilaciones alrededor de la mediana en cada ciclo. En general las desviaciones típicas son altas, especialmente con el método tradicional. Con los nuevos métodos de propagación se obtienen en general alturas de la primera ramificación superiores a lo tradicional, incluso ligeramente mayores cuando se utiliza embriogénesis somática.

Al realizar el análisis de varianza paramétrico de la variable: Altura de la primera ramificación (Anexo 6), para las pruebas de los efectos inter-sujetos se obtienen los resultados respecto a los tres factores y las interacciones de segundo orden. Se destaca que hay influencia significativa de las interacciones Ciclo*Clon, Ciclo*MetPro y Clon*MetPro (todas con significación menor que 0,01). El modelo en general es altamente significativo y tiene un R cuadrado corregida de 0,997. Se muestran los resultados del contraste (matriz K) entre los tres

niveles del método de propagación utilizándose como referencia el nivel 3 (método de propagación por embriogénesis somática) pues es el que presenta valores mayores de la altura de la primera ramificación. La comparación Nivel1-Nivel3 (Tradicional-Embriogénesis) muestra diferencias negativas notables: -37,980 cm con intervalo de confianza 95%: (-40,991; -34,969). La comparación Nivel2-Nivel3 (Organogénesis-Embriogénesis) muestra también diferencias significativas, aunque menos notables: -7,948 cm con intervalo de confianza 95%: (-10,959; -4,937). En resumen, los resultados generales muestran que el test de contrastes fue altamente significativo (significación 0,000).

Se realizan entonces las pruebas post-hoc para la variable: Altura de la primera ramificación (Anexo 7); utilizándose el test C de Dunnett, que es libre de la hipótesis de homogeneidad de varianzas, para realizar las comparaciones múltiples por ciclo. Se señalan las diferencias que resultan significativas al nivel del 5%; están claras las diferencias en la altura de esta primera ramificación entre el ciclo 1 con respecto al 4 y 5, pero se aprecia que no hay diferencias marcadas entre el ciclo 4 y 5 lo que alienta la esperanza de que cuatro ciclos pudieran ser suficientes para igualar las tendencias de la altura de la primera ramificación. Sin embargo, al realizar la prueba de rangos de Student-Newman-Keuls (o indistintamente por Tukey B), se ratifica que los ciclos 4 y 5 no parecen diferenciarse entre sí; pero si se diferencian de los ciclos 2 y 3, y sobre todo del ciclo 1.

De igual forma se realizan las comparaciones múltiples entre los métodos de propagación. Se aprecian diferencias significativas entre el método tradicional y cada uno de los dos nuevos métodos: organogénesis y embriogénesis; pero no entre estos dos últimos. Sin embargo, los test de Student-Newman-Keuls y de Tukey B ubican a los tres métodos en subconjuntos distintos.

En las Tablas 4, 5 y 6 se muestran los resultados del análisis de varianza no paramétrico por cada una de las tres combinaciones bifactoriales de Ciclo, Clon y Método de propagación. Como se estableció en la metodología primero se hace con el SPSS un ANOVA paramétrico de la altura ranqueada de la primera ramificación y luego se utilizan las sumas de cuadrados y sus grados de libertad para calcular con el *Mathematica*, los estadísticos H del ANOVA no paramétrico y su significación.

En la Tabla 4 en particular, se realiza el análisis bifactorial Ciclo*Clon. La Sub-tabla 4a, muestra el análisis paramétrico de los rangos de la Altura de la primera ramificación y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y Clon y de su interacción, todos ellos significativos, aunque lo esencial es la significación de la interacción Ciclo*Clon. El gráfico de perfil (Figura 4), muestra las medias marginales estimadas de los rangos de la altura y ofrece valores superiores para el Clon 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725'. En la Sub-tabla 4b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico y se ratifica que es significativa la interacción Ciclo*Clon. La Sub-tabla 4c, ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas de la altura de la primera ramificación. Obsérvese, que la diferencia entre los clones se acentúa en los ciclos 3, 4 y 5.

Tabla 4. ANOVA bifactorial (Ciclo*Clon) de carácter paramétrico para la altura ranqueada de la primera ramificación y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 4a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos de Primera ramificación

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	1089641,467 ^a	10	108964,147	327,919	,000
Ciclo	34492,217	4	8623,054	25,950	,000
Clon	196421,227	1	196421,227	591,115	,000
Ciclo * Clon	3690,523	4	922,631	2,777	,029
Error	46520,533	140	332,290		
Total	1136162,000	150			

a. R cuadrado = ,959 (R cuadrado corregida = ,956)

Medias marginales estimadas de Rangos de Primera ramificación

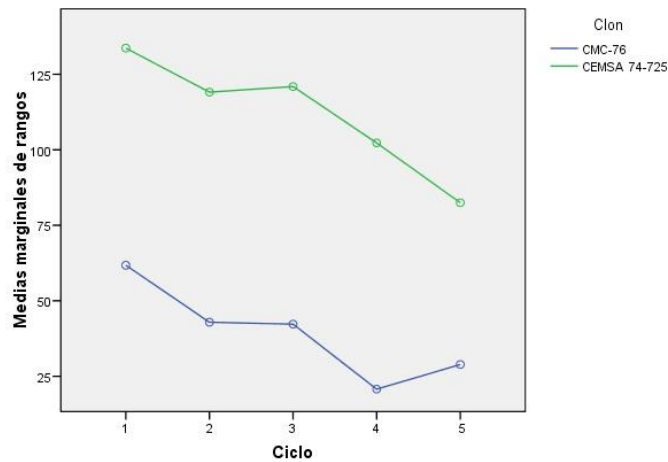


Figura 4. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*Clon

Sub-tabla 4b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	164.669	0.000
Clon	924.335	0.000
Ciclo*Clon	17.367	0.002

Sub-tabla 4c. Influencia de la interacción Ciclo*Clon sobre la mediana de la altura ranqueada de la primera ramificación

		Clon					
		CMC-76		CEMSA 74-725		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos de Primera ramificación	Ciclo 1	15	69,0	15	143,0	30	105,50
	Ciclo 2	15	52,0	15	126,5	30	72,25
	Ciclo 3	15	48,0	15	125,0	30	76,00
	Ciclo 4	15	20,0	15	103,0	30	59,50
	Ciclo 5	15	29,5	15	78,5	30	56,00

Por su parte, en la Tabla 5 se realiza el análisis bifactorial Ciclo*MetPro. La Sub-tabla 5a, muestra el análisis paramétrico de los rangos de la Altura de la primera ramificación y nuevamente se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y MetPro así como de la interacción; los efectos principales resultan significativos pero al parecer, la interacción no lo es. El gráfico de perfil (Figura 5), muestra las medias marginales estimadas de los rangos de la Altura de la primera ramificación, evidencia valores superiores para el método de propagación de embriogénesis somática y pone en duda la no influencia de la interacción. En la Sub-tabla 5b, se muestran entonces los resultados del análisis bifactorial no paramétrico. Es interesante la alta significación del Ciclo y el Método de Propagación y se ratifica que la interacción no es significativa según el ANOVA no paramétrico. La siguiente Sub-tabla 5c, ilustra la no influencia de esta interacción a partir de las medianas de la altura ranqueada de la primera ramificación. Obsérvese, que en el ciclo 1 el valor máximo de la mediana se alcanza casi por igual con el método de organogénesis y el de embriogénesis somática, y ello se mantiene en los ciclos subsiguientes, pero siempre con alguna ventaja de la embriogénesis somática.

Tabla 5. ANOVA bifactorial (Ciclo*Método de propagación) de carácter paramétrico para la altura ranqueada de la primera ramificación y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 5a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos de Primera ramificación

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	924885,700 ^a	15	61659,047	39,399	,000
Ciclo	34492,217	4	8623,054	5,510	,000
MetPro	30934,270	2	15467,135	9,883	,000
Ciclo * MetPro	4421,713	8	552,714	,353	,943
Error	211276,300	135	1565,010		
Total	1136162,000	150			

a. R cuadrado = ,814 (R cuadrado corregida = ,793)

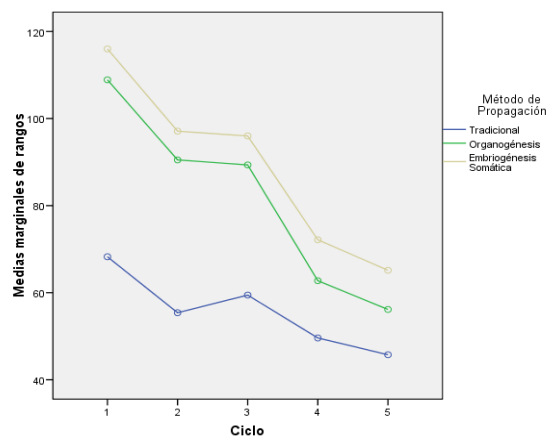


Figura 5. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*MetPro

Sub-tabla 5b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	72.615	6.328×10^{-15}
Met.Prop.	65.125	7.216×10^{-15}
Ciclo*Met.Prop.	9.309	0.317

Sub-tabla 5c. Influencia de la interacción Ciclo*MetPro sobre la mediana de la altura ranqueada de la primera ramificación

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos de Primera ramificación	Ciclo 1	10	69,00	10	123,00	10	121,50	30	105,50
	Ciclo 2	10	58,75	10	87,50	10	94,50	30	72,25
	Ciclo 3	10	60,00	10	88,50	10	94,25	30	76,00
	Ciclo 4	10	47,25	10	62,25	10	71,75	30	59,50
	Ciclo 5	10	45,50	10	56,25	10	58,25	30	56,00

En la Tabla 6, se realiza el análisis bifactorial Clon*MetPro. La Sub-tabla 6a, muestra el análisis paramétrico de los rangos de la Altura de la primera ramificación y nuevamente se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Clon y MetPro así como de su interacción, los dos primeros son significativos; pero la interacción no parece serlo. El gráfico de perfil (Figura 6), muestra las medias marginales estimadas de los rangos de la altura y evidencia valores superiores para la variedad 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725'. Aparentemente no hay interacciones; pero en la Sub-tabla 6b, se demuestra que desde el punto de vista no paramétrico la interacción Clon*MetPro es altamente significativa, y por tanto esta interacción sigue siendo lo más importante. Una vez más, en la Sub-tabla 6c, se ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas de la altura ranqueada de la primera ramificación. Obsérvese, que en la variedad 'CMC-76' las medianas son algo similares en los tres métodos de propagación; sin embargo, para la variedad 'CEMSA 74-725' se alcanzan valores medianos superiores de dicha altura ranqueada con relación a los de la muestra total cuando se trabaja con datos de los métodos de propagación de organogénesis y embriogénesis somática; pero son inferiores en el caso del método tradicional lo cual puede explicar la dudosa interacción.

Tabla 6. ANOVA bifactorial (Clon*Método de propagación) de carácter paramétrico para la altura ranqueada de la primera ramificación y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 6a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos de Primera ramificación

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	1083069,080 ^a	6	180511,513	489,588	,000
Clon	196421,227	1	196421,227	532,739	,000
MetPro	30934,270	2	15467,135	41,950	,000
Clon * MetPro	676,083	2	338,042	,917	,402
Error	53092,920	144	368,701		
Total	1136162,000	150			

a. R cuadrado = ,953 (R cuadrado corregida = ,951)

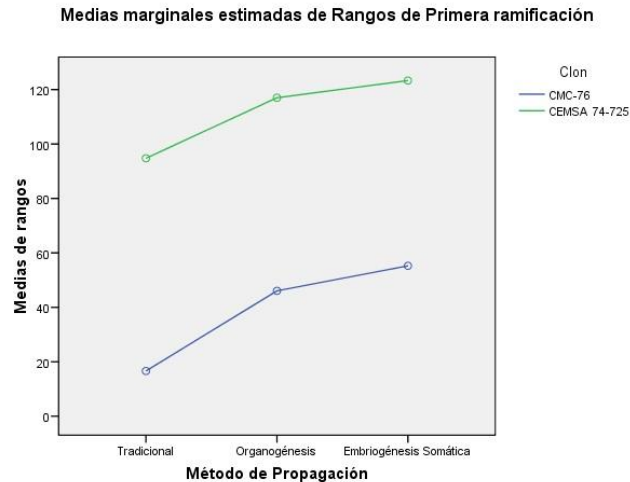


Figura 6. Gráfico de perfil para la relación Clon*MetPro

Sub-tabla 6b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Clon	2534.467	0.000
Met.Prop.	399.152	0.000
Clon*Met.Prop.	8.724	0.013

Sub-tabla 6c. Influencia de la interacción Clon*MetPro sobre la mediana de la altura ranqueada de la primera ramificación

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos de Primera ramificación	CMC-76	25	14,0	25	48,0	25	58,5	75	37,0
	CEMSA 74-725	25	94,5	25	125,0	25	126,5	75	111,5

3.3.3. Número de estacas por planta

El análisis descriptivo de la variable: Número de estacas por planta según el comportamiento en campo, por los tres factores se muestra en el Anexo 8. Como tendencia general, puede apreciarse que cuando se utiliza cualquiera de los métodos de propagación hay una tendencia a obtener ligeramente mayor número de estacas alrededor del ciclo 3 pero se observan desviaciones típicas bastante grandes en cada uno de los ciclos. El método tradicional refleja generalmente los valores menores, superados por la organogénesis y esta a su vez por la embriogénesis somática.

Al realizar el análisis de varianza paramétrico del Número de estacas por planta (Anexo 9), para las pruebas de los efectos inter-sujetos, se obtienen los resultados respecto a los tres factores, así como las interacciones de segundo orden. Se destaca que hay influencia significativa de las interacciones Ciclo*Clon, Ciclo*MetPro y Clon*MetPro (todas con significación menor que 0,01). El modelo en general es altamente significativo y tiene un R cuadrado corregida de 0,998. Este análisis paramétrico puede ser justamente cuestionado porque el Número de estacas por planta

es un número entero y está lejos de tener una distribución normal. Sin embargo, orienta en algún sentido y los resultados serán confirmados o rectificadas con el ANOVA no paramétrico. Se muestran los resultados del contraste entre las tres categorías del método de propagación utilizándose como referencia el nivel 3 (método de propagación de embriogénesis somática) pues es el que presenta valores mayores del Número de estacas por planta. La comparación Nivel1-Nivel3 (Tradicional-Embriogénesis) muestra diferencias negativas significativas: -2,053 con intervalo de confianza 95%: (-2,275; -1,831). La comparación Nivel2-Nivel3 (Organogénesis-Embriogénesis) muestra también diferencias negativas significativas: -0,616 con intervalo de confianza 95%: (-0,838; -0,394). En resumen, los resultados generales prueban que el test de contrastes fue altamente significativo (significación 0,000).

Se realizan entonces las pruebas post-hoc para el Número de estacas por planta (Anexo 10); utilizándose el test C de Dunnett, que es libre de requisitos de homogeneidad de varianzas, para realizar las comparaciones múltiples por ciclo. Como resultado se obtiene que no existen diferencias que resulten significativas al nivel del 5%, es decir, el número de estacas por planta es bastante similar entre los cinco ciclos. Al realizar la prueba de rangos de Student-Newman-Keuls (o indistintamente por Tukey B), se ratifica que los ciclos 1 y 4 no parecen diferenciarse entre sí, como tampoco los ciclos 2 y 3; pero todos ellos si se diferencian del ciclo 5 donde se obtienen los menores valores.

De igual forma se realizan las comparaciones múltiples entre los métodos de propagación. No se aprecian diferencias significativas entre los tres métodos, sin embargo, al realizar los test de Student-Newman-Keuls y de Tukey B se aprecia que ubican a los tres métodos de propagación en subconjuntos distintos (tradicional con un valor mínimo del número de estacas y embriogénesis somática con un valor máximo).

En las Tablas 7, 8 y 9 se muestran los resultados del análisis de varianza no paramétrico por cada una de las tres combinaciones bifactoriales de Ciclo, Clon y Método de propagación. Como se estableció en la metodología primero se hace con el *SPSS* un ANOVA paramétrico del número de estacas, adecuadamente ranqueado y luego se utilizan las sumas de cuadrados y sus grados de libertad para calcular con el *Mathematica*, los estadísticos H del ANOVA no paramétrico y su significación.

En la Tabla 7 en particular, se realiza el análisis bifactorial Ciclo*Clon. La Sub-tabla 7a, muestra el análisis paramétrico de los rangos del número de estacas y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y Clon y de su interacción, todos ellos significativos, aunque lo esencial es la significación de la interacción Ciclo*Clon. El gráfico de perfil (Figura 7), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del número de estacas y ofrece valores superiores para el Clon 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725'. En la Sub-tabla 7b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico que ratifica que es significativa la interacción Ciclo*Clon. La Sub-tabla 7c, ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas del número de estacas. Obsérvese, que la diferencia entre los clones se sostiene y se acentúa particularmente en los ciclos 4 y 5.

Tabla 7. ANOVA bifactorial (Ciclo*Clon) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Número de estacas por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 7a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Nro. de Estacas/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	1091118,133 ^a	10	109111,813	338,809	,000
Ciclo	16802,717	4	4200,679	13,044	,000
Clon	210937,500	1	210937,500	654,993	,000
Ciclo * Clon	8340,417	4	2085,104	6,475	,000
Error	45086,367	140	322,045		
Total	1136204,500	150			

a. R cuadrado = ,960 (R cuadrado corregida = ,957)

Medias marginales estimadas de Rangos del Nro. de Estacas/Planta

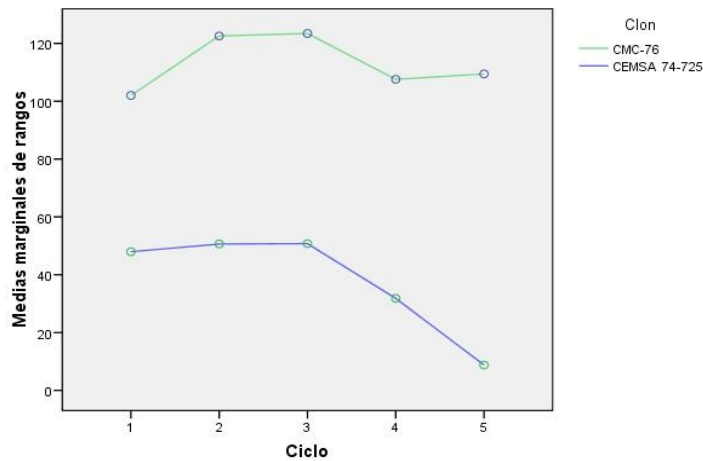


Figura 7. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*Clon

Sub-tabla 7b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	79.072	2.220×10^{-16}
Clon	992.647	0.000
Ciclo*Clon	39.249	6.188×10^{-8}

Sub-tabla 7c. Influencia de la interacción Ciclo*Clon sobre la mediana ranqueada del Número de estacas por planta

		Clon					
		CMC-76		CEMSA 74-725		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Nro. de Estacas/Planta	Ciclo 1	15	106,0	15	51,5	30	78,75
	Ciclo 2	15	135,0	15	55,0	30	75,25
	Ciclo 3	15	133,5	15	51,5	30	78,75
	Ciclo 4	15	110,0	15	30,0	30	68,75
	Ciclo 5	15	116,5	15	7,5	30	49,25

Por su parte, en la Tabla 8 se realiza el análisis bifactorial Ciclo*MetPro. La Sub-tabla 8a, muestra el análisis paramétrico de los rangos del Número de estacas por planta y nuevamente se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y MetPro así como su interacción; los efectos principales resultan significativos pero al parecer, la interacción no lo es. El gráfico de perfil (Figura 8), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del número de estacas, se evidencian valores superiores para el método de propagación de embriogénesis somática y se ratifica la duda sobre la influencia de la interacción. En la Sub-tabla 8b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico y es interesante la alta significación del ciclo y el método de propagación, pero se confirma que la interacción no es significativa según el ANOVA no paramétrico. La Sub-tabla 8c, ilustra la no influencia de esta interacción a partir de las medianas del número de estacas. Obsérvese, que en el ciclo 1 el valor máximo de la mediana se alcanza casi por igual con el método de organogénesis y el de embriogénesis somática, con ligera ventaja para este último y ello se mantiene en los ciclos siguientes. El método tradicional siempre refleja un valor menor de la mediana del rango del número de estacas.

Tabla 8. ANOVA bifactorial (Ciclo*Método de propagación) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Número de estacas por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 8a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Nro. de Estacas/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	905491,900 ^a	15	60366,127	35,323	,000
Ciclo	16802,717	4	4200,679	2,458	,049
MetPro	31749,330	2	15874,665	9,289	,000
Ciclo * MetPro	1902,353	8	237,794	,139	,997
Error	230712,600	135	1708,982		
Total	1136204,500	150			

a. R cuadrado = ,797 (R cuadrado corregida = ,774)

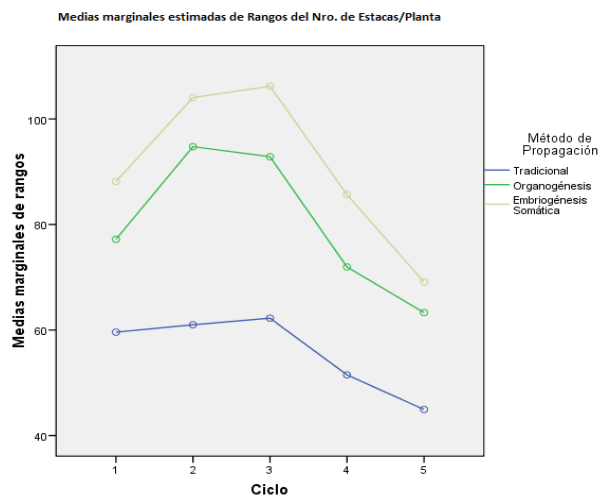


Figura 8. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*Método de propagación

Sub-tabla 8b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	35.374	3.892×10^{-7}
Met.Prop.	66.841	3.109×10^{-15}
Ciclo*Met.Prop.	4.005	0.857

Sub-tabla 8c. Influencia de la interacción Ciclo*MetPro sobre la mediana ranqueada del Número de estacas por planta

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Nro. de Estacas/Planta	Ciclo 1	10	62,50	10	76,00	10	87,75	30	78,75
	Ciclo 2	10	62,25	10	94,00	10	104,50	30	75,25
	Ciclo 3	10	61,25	10	92,50	10	108,00	30	78,75
	Ciclo 4	10	51,50	10	67,00	10	87,50	30	68,75
	Ciclo 5	10	42,75	10	58,75	10	68,50	30	49,25

En la Tabla 9, se realiza el análisis bifactorial Clon*MetPro. La Sub-tabla 9a, muestra los resultados de la comparación paramétrica de los rangos del Número de estacas por planta y nuevamente se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Clon y MetPro así como de su interacción, los dos primeros son significativos; pero la interacción solo parece ser medianamente significativa. El gráfico de perfil (Figura 9), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del número de estacas y evidencia valores superiores para la variedad 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725' y aparentemente no hay interacciones; pero en el ANOVA no paramétrico (Sub-tabla 9b) si aparece la interacción como significativa y en la Sub-tabla 9c, se ilustra dicha influencia y concretamente ambos clones muestran valores superiores en rangos del número de estacas respecto al método tradicional pero esta diferencia se acentúa en el clon 'CEMSA 74-725'.

Tabla 9. ANOVA bifactorial (Clon*Método de propagación) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Número de estacas por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 9a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Nro. de Estacas/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	1099237,660 ^a	6	183206,277	713,659	,000
Clon	210937,500	1	210937,500	821,682	,000
MetPro	31749,330	2	15874,665	61,838	,000
Clon * MetPro	1513,330	2	756,665	2,947	,056
Error	36966,840	144	256,714		
Total	1136204,500	150			

a. R cuadrado = ,967 (R cuadrado corregida = ,966)

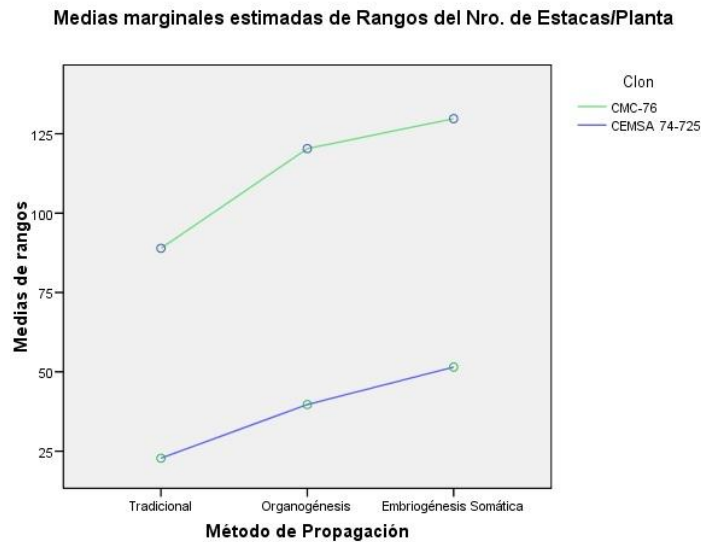


Figura 9. Gráfico de perfil para la relación Clon*MetPro

Sub-tabla 9b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Clon	2721.774	0.000
Met. Prop.	409.669	0.000
Clon*Met. Prop.	19.527	0.000

Sub-tabla 9c. Influencia de la interacción Clon*MetPro sobre la mediana ranqueada del Número de estacas por planta

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Nro. de Estacas/Planta	Clon CMC-76	25	88,0	25	122,5	25	131,0	75	114,0
	Clon CEMSA 74-725	25	24,0	25	44,5	25	61,0	75	38,0

3.3.4. Número de raíces por planta

El análisis descriptivo de la variable: Número de raíces por planta según comportamiento en campo, por los tres factores se muestran en el Anexo 11. Como tendencia general, puede apreciarse que cuando se utiliza el método de propagación tradicional aparece un decrecimiento leve con el número del ciclo; pero cuando se utilizan los nuevos métodos de propagación, organogénesis o embriogénesis somática, hay una tendencia creciente en los primeros ciclos hasta un valor máximo cercano al ciclo 3 y luego el número de raíces por planta comienza a decrecer con la posibilidad de encontrarse con las del método tradicional.

Al realizar el análisis de varianza paramétrico del Número de raíces por planta (Anexo 12), para las pruebas de los efectos inter-sujetos se obtienen los resultados respecto a los tres factores y las interacciones de segundo orden. Se destaca que hay influencia significativa de las interacciones Ciclo*Clon, Ciclo*MetPro y Clon*MetPro (todas con significación menor que 0,01). El modelo ANOVA en general es altamente significativo y tiene un R cuadrado corregida de 0,997. Como en el caso de la variable anterior, este análisis paramétrico puede ser justamente cuestionado porque el número de raíces por planta es un número entero y está lejos de tener

una distribución normal. Sin embargo, orienta en algún sentido y los resultados serán confirmados o rectificadas con el ANOVA no paramétricos. Se muestran los resultados del contraste (matriz K) entre los tres niveles del método de propagación utilizándose como referencia el nivel 3 (método de propagación de embriogénesis somática) pues es el que presenta valores mayores del número de raíces por planta. La comparación Nivel1-Nivel3 (Tradicional-Embriogénesis somática) muestra diferencias negativas significativas: -1,790 con intervalo de confianza 95%: (-1,970; -1,610). La comparación Nivel2-Nivel3 (Organogénesis-Embriogénesis somática) muestra también diferencias negativas significativas: -0,618 con intervalo de confianza 95%: (-0,798; -0,438). En resumen, los resultados generales prueban que el test de contrastes fue altamente significativo (significación 0,000).

Se realizan entonces las pruebas post-hoc para el Número de raíces por planta (Anexo 13); utilizándose el test C de Dunnett, que es libre de requisitos de homogeneidad de varianzas, para realizar las comparaciones múltiples por ciclo. Se señalan las diferencias que resultan significativas al nivel del 5%. En esencia, el número de raíces es inferior al detectado en los ciclos posteriores; además hay diferencias entre el ciclo 2 y el ciclo 3 en relación con el ciclo 5; pero no se observan diferencias marcadas entre los ciclos 4 y 5. Con la prueba de rangos de Student-Newman-Keuls (o indistintamente por Tukey B), se ratifica que los ciclos 2 y 3 no parecen diferenciarse entre sí; pero se forman cuatro subconjuntos homogéneos, en orden ascendente con los ciclos 1, 5, 4, y 2-3 respectivamente.

De igual forma se realizan las comparaciones múltiples entre los métodos de propagación. Se aprecian diferencias significativas entre el número de raíces del método tradicional y los obtenidos por los dos nuevos métodos de propagación. Los resultados de las pruebas de Student-Newman-Keuls y de Tukey B ubican a los tres métodos en subconjuntos distintos (tradicional con un valor mínimo del número de raíces y embriogénesis somática con un valor máximo).

En las Tablas 10, 11 y 12 se muestran los resultados del análisis de varianza no paramétrico por cada una de las tres combinaciones bifactoriales de Ciclo, Clon y Método de propagación. Como se estableció, se hace con el SPSS un ANOVA paramétrico, en este caso del número de raíces, adecuadamente ranqueado y luego se utilizan las sumas de cuadrados y sus grados de libertad para calcular con el *Mathematica*, los estadísticos H del ANOVA no paramétrico y su significación.

En la Tabla 10, se reflejan los resultados del análisis bifactorial Ciclo*Clon. La Sub-tabla 10a, muestra el análisis paramétrico de los rangos del número de raíces y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y Clon, así como de su interacción, el primero significativo, pero no hay aparentemente significación para Clon y la interacción Ciclo*Clon. El gráfico de perfil (Figura 10), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del número de raíces, ofrece valores superiores para el Clon 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725' y por causa de la intersección de los perfiles se pone en duda la no existencia de interacción. En la Sub-tabla 10b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico que evidencia la posibilidad de ser significativa la interacción Ciclo*Clon. La Sub-tabla 10c, ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas del número de raíces. Obsérvese, que la diferencia entre los clones es marcada, aunque de diferentes maneras en los ciclos 1, 2, 3 y 5, pero no así en el 4, precisamente el ciclo donde se refleja gráficamente la intersección de los perfiles.

Tabla 10. ANOVA bifactorial (Ciclo*Clon) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Número de raíces por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico.

Sub-tabla 10a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Nro. de Raíces/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	965791,367 ^a	10	96579,137	79,421	,000
Ciclo	106969,733	4	26742,433	21,991	,000
Clon	1713,660	1	1713,660	1,409	,237
Ciclo * Clon	2070,473	4	517,618	,426	,790
Error	170246,133	140	1216,044		
Total	1136037,500	150			

a. R cuadrado = ,850 (R cuadrado corregida = ,839)

Medias marginales estimadas de Rangos del Nro. de Raíces/Planta

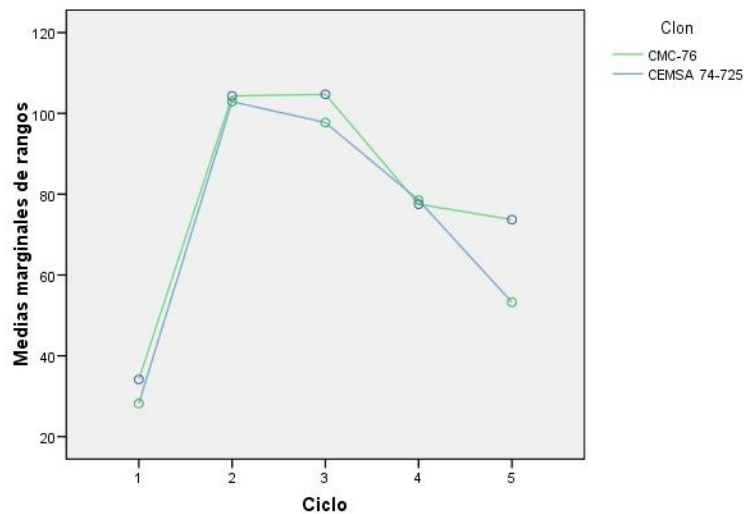


Figura 10. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*Clon

Sub-tabla 10b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	503.387	0.000
Clon	8.064	0.005
Ciclo*Clon	9.602	0.048

Sub-tabla 10c. Influencia de la interacción Ciclo*Clon sobre la mediana ranqueada del Número de raíces por planta

		Clon					
		CMC-76		CEMSA 74-725		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Nro. de Raíces/Planta	Ciclo 1	15	28,5	15	8,5	30	22,50
	Ciclo 2	15	123,5	15	114,5	30	121,75
	Ciclo 3	15	123,5	15	102,0	30	116,50
	Ciclo 4	15	95,5	15	93,0	30	94,25
	Ciclo 5	15	83,5	15	51,0	30	67,00

En la Tabla 11, se realiza el análisis bifactorial Ciclo*MetPro. La Sub-tabla 11a, muestra el análisis paramétrico de los rangos del Número de raíces por planta y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y MetPro así como de su interacción. Los efectos principales resultan significativos, pero al parecer, la interacción no lo es. El gráfico de perfil (Figura 11), confirma esto con las medias marginales estimadas de los rangos del número de raíces. Se evidencian valores superiores para el método de propagación por embriogénesis somática y valores inferiores para el método tradicional. Debido al relativo paralelismo de los perfiles a partir del ciclo 2, no sigue cuestionada la influencia de la interacción. En la Sub-tabla 11b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico, donde resulta interesante la alta significación del ciclo y especialmente del método de propagación y se confirma la no interacción según el ANOVA no paramétrico. La Sub-tabla 11c, ilustra la no influencia de esta interacción a partir de las medianas del número de raíces. Definitivamente, a partir del ciclo 2 el método tradicional presenta los valores mínimos de la mediana, que son superados por los del método de organogénesis y más aún por los de embriogénesis somática.

Tabla 11. ANOVA bifactorial (Ciclo*Método de propagación) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Número de raíces por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 11a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Nro. de Estacas/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	905491,900 ^a	15	60366,127	35,323	,000
Ciclo	16802,717	4	4200,679	2,458	,049
MetPro	31749,330	2	15874,665	9,289	,000
Ciclo * MetPro	1902,353	8	237,794	,139	,997
Error	230712,600	135	1708,982		
Total	1136204,500	150			

a. R cuadrado = ,797 (R cuadrado corregida = ,774)

Medias marginales estimadas de Rangos del Nro. de Raíces/Planta

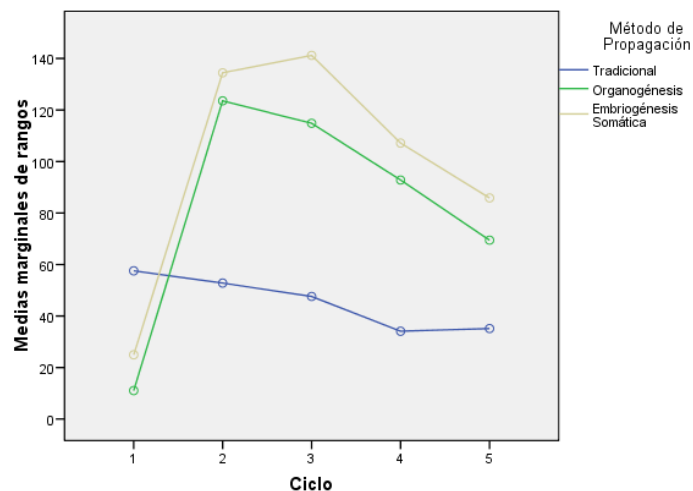


Figura 11. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*MetPro

Sub-tabla 11b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	35.374	3.892×10^{-7}
Met.Prop.	66.841	3.109×10^{-15}
Ciclo*Met.Prop.	4.005	0.857

Sub-tabla 11c. Influencia de la interacción Ciclo*MetPro sobre la mediana ranqueada del Número de raíces por planta

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Nro. de Raíces/Planta	Ciclo 1	10	68,50	10	9,25	10	19,25	30	22,50
	Ciclo 2	10	56,50	10	121,75	10	135,00	30	121,75
	Ciclo 3	10	47,25	10	116,50	10	143,50	30	116,50
	Ciclo 4	10	32,25	10	95,50	10	106,00	30	94,25
	Ciclo 5	10	36,00	10	74,25	10	88,00	30	67,00

En la Tabla 12, se realiza el análisis bifactorial Clon*MetPro. La Sub-tabla 12a, muestra los resultados de la comparación paramétrica de los rangos del Número de raíces por planta y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Clon y MetPro así como de su interacción; siendo MetPro significativo; pero el Clon y la interacción no evidencian significación. El gráfico de perfil (Figura 12), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del número de raíces y evidencia valores superiores para la variedad 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725', pero la interacción de los perfiles hace sospechar la existencia de interacciones. En el ANOVA no paramétrico (Sub-tabla 12b), se destaca la influencia de los factores principales y finalmente aparece la interacción como posiblemente significativa. En la Sub-tabla 12c, se ilustra dicha influencia.

Tabla 12. ANOVA bifactorial (Clon*Método de propagación) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Número de raíces por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico.

Sub-tabla 12a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Nro. de Raíces/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	935034,520 ^a	6	155839,087	111,644	,000
Clon	1713,660	1	1713,660	1,228	,270
MetPro	74477,880	2	37238,940	26,678	,000
Clon * MetPro	3805,480	2	1902,740	1,363	,259
Error	201002,980	144	1395,854		
Total	1136037,500	150			

a. R cuadrado = ,823 (R cuadrado corregida = ,816)

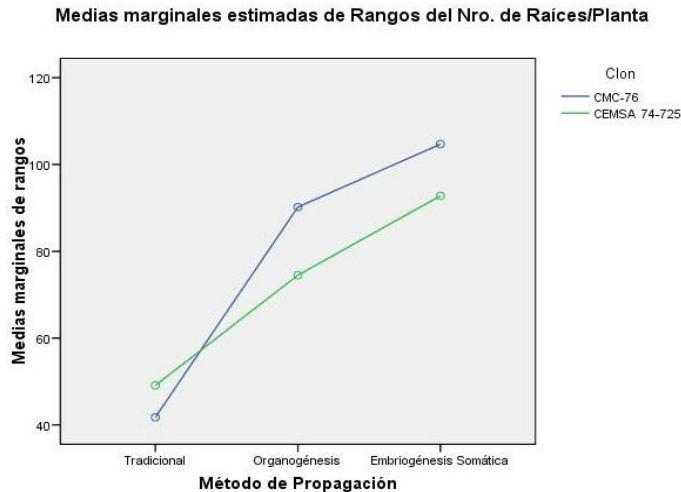


Figura 12. Gráfico de perfil para la relación Clon*MetPro

Sub-tabla 12b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Clon	22.112	2.572×10^{-6}
Met.Prop.	961.005	0.000
Clon*Met.Prop.	49.103	2.175×10^{-11}

Sub-tabla 12c. Influencia de la interacción Clon*MetPro sobre la mediana ranqueada del Número de raíces por planta

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Nro. de Raíces/Planta	CMC-76	25	43,5	25	95,5	25	112,0	75	83,5
	CEMSA 74-725	25	51,0	25	92,0	25	104,5	75	70,0

3.3.5. Rendimiento por planta (kg)

El análisis descriptivo de la variable: Rendimiento por planta (kg) según el comportamiento en campo, por los tres factores, se muestra en el Anexo 14. Como tendencia general, puede apreciarse que cuando se utiliza el método de propagación tradicional aparece un decrecimiento leve con el número del ciclo; pero cuando se utilizan los nuevos métodos de propagación, organogénesis o embriogénesis somática, hay una tendencia creciente en los primeros ciclos hasta un valor máximo cercano al ciclo 3 y luego el rendimiento por planta comienza a decrecer con la posibilidad de encontrarse con las del método tradicional.

Al realizar el análisis de varianza paramétrico de la variable: Rendimiento por planta (Anexo 15), para las pruebas de los efectos inter-sujetos se obtienen los resultados respecto a los tres factores y las interacciones de segundo orden. Se destaca que hay influencia significativa de las interacciones Ciclo*Clon, Ciclo*MetPro (todas con significación menor que 0,01) pero no evidencian significación de la interacción Clon*MetPro. El modelo ANOVA en general es altamente significativo y tiene un R cuadrado corregida de 0,992. Se muestran los resultados del contraste (matriz K) entre los tres niveles del método de propagación utilizándose como

referencia el nivel 3 (método de propagación por embriogénesis somática) pues es el que presenta valores mayores de la variable, en este caso rendimiento. La comparación Nivel1-Nivel3 (Tradicional-Embriogénesis) muestra diferencias negativas significativas: -0,678 con intervalo de confianza 95%: (-0,766; -0,590). La comparación Nivel2-Nivel3 (Organogénesis-Embriogénesis) muestra también diferencias negativas significativas: -0,308 con intervalo de confianza 95%: (-0,396; -0,220). En resumen, los resultados generales prueban que el test de contrastes fue altamente significativo (significación 0,000).

Se realizan entonces las pruebas post-hoc para la variable: Número de raíces por planta (Anexo 16); utilizándose el test C de Dunnett, que es libre de requisitos de homogeneidad de varianzas, para realizar las comparaciones múltiples por ciclo. Se señalan las diferencias que resultan significativas al nivel del 5%; en esencia, el rendimiento en los primeros ciclos es inferior al detectado en los ciclos posteriores; pero no se detectan diferencias entre los ciclos 2 y 3 aunque sí entre estos y el ciclo 5. Al realizar la prueba de rangos de Student-Newman-Keuls (o indistintamente por Tukey B), se ratifica que los ciclos 2 y 3 no parecen diferenciarse entre sí; pero se forman 3 subconjuntos homogéneos, en orden ascendente con los ciclos 1-5; 4; y 2-3 respectivamente.

De igual forma se realizan las comparaciones múltiples entre los métodos de propagación. Se aprecian diferencias significativas en el rendimiento del método tradicional y los obtenidos por los dos nuevos métodos de propagación. Las pruebas de Student-Newman-Keuls y de Tukey B, ubican a los tres métodos en subconjuntos distintos (tradicional con un valor mínimo del rendimiento y embriogénesis somática con un valor máximo).

En las Tablas 13, 14 y 15 se muestran los resultados del análisis de varianza no paramétrico por cada una de las tres combinaciones bifactoriales de Ciclo, Clon y Método de propagación. Se hace primeramente con el *SPSS* un ANOVA paramétrico, en este caso del rendimiento, adecuadamente ranqueado y luego se utilizan las sumas de cuadrados y sus grados de libertad para calcular con el *Mathematica*, los estadísticos H del ANOVA no paramétrico y su significación.

En la Tabla 13, se realiza el análisis bifactorial Ciclo*Clon. La Sub-tabla 13a, muestra el análisis paramétrico de los rangos del Rendimiento por planta y se somborean las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y Clon, así como de la interacción, los dos primeros significativos, pero no hay aparentemente significación de la interacción Ciclo*Clon. El gráfico de perfil (Figura 13), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del Rendimiento por planta, ofrece valores superiores para el Clon 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725' y no hay intersección de los perfiles por lo que se mantiene la duda sobre la no existencia de interacción. Sin embargo, en la Sub-tabla 13b se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico que evidencia la posibilidad de ser significativa la interacción Ciclo*Clon. La Sub-tabla 13c, ilustra la influencia de esta interacción a partir de las medianas del rendimiento. Se observa que la diferencia entre los clones es marcada, pero se acentúa en los ciclos 2, 3 y 4.

Tabla 13. ANOVA bifactorial (Ciclo*Clon) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Rendimiento por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico.

Sub-tabla 13a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Rendimiento por planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	981308,333 ^a	10	98130,833	89,338	,000
Ciclo	50710,017	4	12677,504	11,542	,000
Clon	67288,860	1	67288,860	61,260	,000
Ciclo * Clon	8271,957	4	2067,989	1,883	,117
Error	153779,167	140	1098,423		
Total	1135087,500	150			

a. R cuadrado = ,865 (R cuadrado corregida = ,855)

Medias marginales estimadas de Rangos del Rendimiento por planta

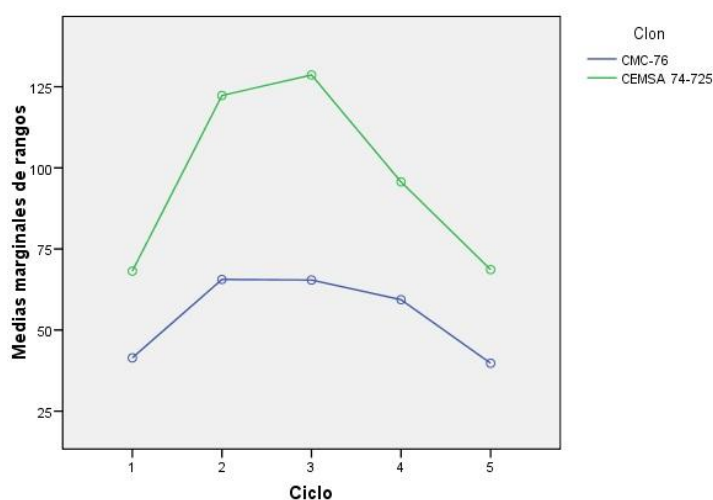


Figura 13. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*Clon

Sub-tabla 13b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign.
Ciclo	238.635	0.000
Clon	316.653	0.000
Ciclo*Clon	96.320	0.000

Sub-tabla 13c. Influencia de la interacción Ciclo*Clon sobre la mediana ranqueada del Rendimiento por planta

		Clon					
		CMC-76		CEMSA 74-725		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Rendimiento por planta	Ciclo 1	15	29,5	15	52,0	30	46,75
	Ciclo 2	15	71,5	15	133,5	30	94,00
	Ciclo 3	15	71,5	15	137,5	30	104,50
	Ciclo 4	15	41,5	15	104,5	30	81,50
	Ciclo 5	15	41,5	15	71,5	30	52,00

En la Tabla 14 se describe el análisis bifactorial Ciclo*MetPro. La Sub-tabla 14a, muestra el análisis paramétrico de los rangos del Número de raíces por planta y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Ciclo y MetPro así como de su interacción. Los efectos principales resultan significativos y al parecer, la interacción también lo es. El gráfico de perfil (Figura 14), confirma lo anterior con las medias marginales estimadas de los rangos del Rendimiento por planta. Se evidencian valores superiores para el método de propagación de embriogénesis somática y valores inferiores para el método tradicional, pero hay intersección de los perfiles en los ciclos iniciales y no después, por lo que sigue cuestionada la interacción. En la Sub-tabla 14b, se muestran los resultados del análisis bifactorial no paramétrico y resulta interesante que el método de propagación es más significativo que el clon, pero no se aprecian influencias significativas de la interacción. La Sub-tabla 14c, ilustra la no influencia de esta interacción a partir de las medianas del Rendimiento por planta. Definitivamente, a partir del ciclo 2 el método tradicional presenta los valores mínimos de la mediana y son superados por el método de organogénesis y más aún por el de embriogénesis somática.

Tabla 14. ANOVA bifactorial (Ciclo*Método de propagación) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Rendimiento por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 14a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Rendimiento por planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	1006790,750 ^a	15	67119,383	70,626	,000
Ciclo	50710,017	4	12677,504	13,340	,000
MetPro	65154,360	2	32577,180	34,279	,000
Ciclo * MetPro	35888,873	8	4486,109	4,720	,000
Error	128296,750	135	950,346		
Total	1135087,500	150			

a. R cuadrado = ,887 (R cuadrado corregida = ,874)

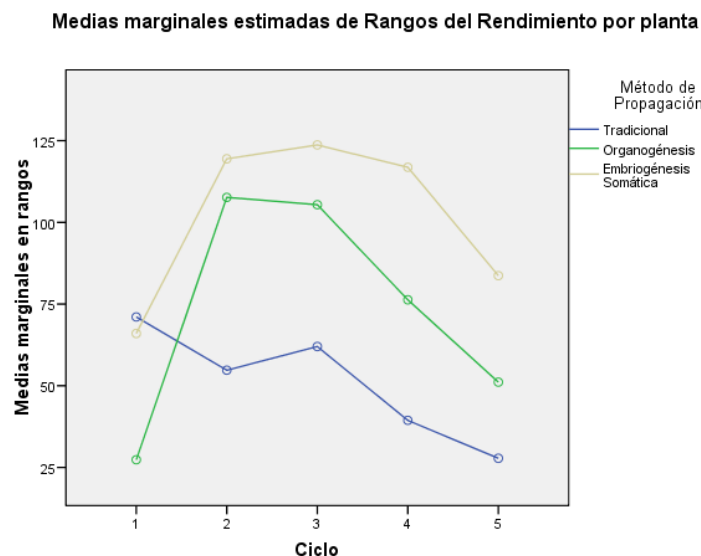


Figura 14. Gráfico de perfil para la relación Ciclo*MetPro

Sub-tabla 14b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Ciclo	3.608	0.462
Met.Prop.	156.796	0.000
Ciclo*Met.Prop.	8.012	0.432

Sub-tabla 14c. Influencia de la interacción Ciclo*MetPro sobre la mediana ranqueada del Rendimiento por planta

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Rendimiento por planta	Ciclo 1	10	71,0	10	29,50	10	62,00	30	46,75
	Ciclo 2	10	57,0	10	112,75	10	125,00	30	94,00
	Ciclo 3	10	61,5	10	112,75	10	133,75	30	104,50
	Ciclo 4	10	41,5	10	87,75	10	122,50	30	81,50
	Ciclo 5	10	23,5	10	52,00	10	87,75	30	52,00

En la Tabla 15 se realiza el análisis bifactorial Clon*MetPro. La Sub-tabla 15a, muestra los resultados de la comparación paramétrica de los rangos del Rendimiento por planta y se señalan las sumas de cuadrados y los grados de libertad de los efectos principales: Clon y MetPro así como los de su interacción; los dos primeros son significativos y la interacción parece serlo también. El gráfico de perfil (Figura 15), muestra las medias marginales estimadas de los rangos del Rendimiento y evidencia valores superiores para la variedad 'CMC-76' respecto a 'CEMSA 74-725' y la no intersección de los perfiles no asegura la existencia de interacciones; ya que su tendencia lo pone en duda. En el ANOVA no paramétrico (Sub-tabla 15b), se destaca la influencia de los factores principales y finalmente aparece la interacción como posiblemente significativa. En la Sub-tabla 15c, se ilustra dicha influencia, ya que el método tradicional siempre obtiene resultados medianos menores que la organogénesis y la embriogénesis somática, pero éstos acentúan como superiores en el clon 'CEMSA 74-725'.

Tabla 15. ANOVA bifactorial (Clon*Método de propagación) de carácter paramétrico para el valor en rangos del Rendimiento por planta y el consecuente ANOVA de carácter no paramétrico

Sub-tabla 15a. Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rangos del Rendimiento por planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	997793,400 ^a	6	166298,900	174,421	,000
Clon	67288,860	1	67288,860	70,575	,000
MetPro	65154,360	2	32577,180	34,168	,000
Clon * MetPro	10312,680	2	5156,340	5,408	,005
Error	137294,100	144	953,431		
Total	1135087,500	150			

a. R cuadrado = ,879 (R cuadrado corregida = ,874)

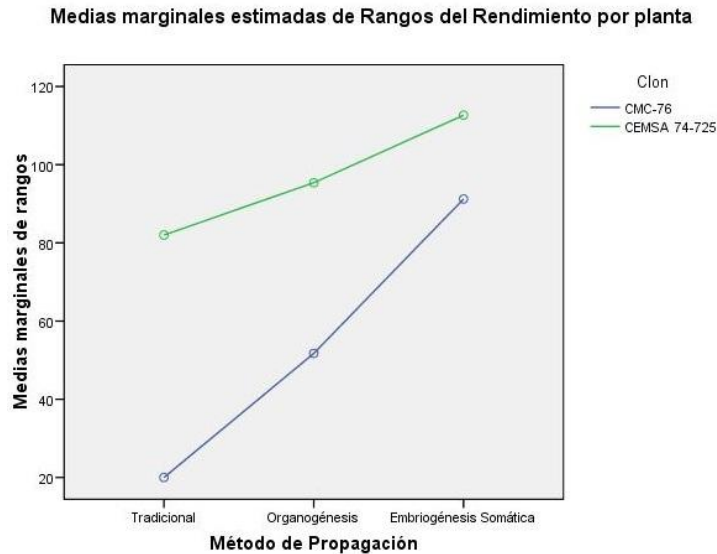


Figura 15. Gráfico de perfil para la relación Clon*MetPro

Sub-tabla 15b. Resultados del análisis bifactorial no paramétrico

	H	Sign
Clon	868.243	0.000
Met.Prop.	840.701	0.000
Clon*Met.Prop.	133.067	0.000

Sub-tabla 15c. Influencia de la interacción Clon*MetPro sobre la mediana ranqueada del Rendimiento por planta

		Método de Propagación							
		Tradicional		Organogénesis		Embriogénesis Somática		Total	
		N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana	N	Mediana
Rangos del Rendimiento por planta	Clon CMC-76	25	17,5	25	52,0	25	94,0	75	52,0
	Clon CEMSA 74-725	25	81,5	25	104,5	25	125,0	75	104,5

A partir de los resultados obtenidos, para cada una de las variables evaluadas, se procede a aplicar los modelos matemáticos de regresión con el objetivo de lograr los mejores ajustes de curvas que permitan determinar los puntos de corte, donde se igualen las variables para los tres métodos de propagación estudiados.

3.4. Definición de los modelos de regresión para determinar la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas de yuca obtenidas por métodos biotecnológicos

En general se aplicarán los diferentes modelos de regresión, teniendo en cuenta las variables cuantitativas evaluadas para definir la de mejor ajuste para cada caso.

3.4.1. Altura de la planta (cm)

En la Tabla 16, se muestran los resultados de las regresiones cuadráticas de la variable altura de la planta respecto a los ciclos, para cada uno de los métodos de propagación. Se lograron las estimaciones de los parámetros y se ilustran gráficamente las regresiones para los métodos de propagación tradicional (Sub-tabla 16a y Figura 16), por organogénesis (Sub-tabla 16b y

Figura 17-A) y por embriogénesis somática (Sub-tabla 16c y Figura 17-B). En general para cada uno de los métodos existe una cierta dispersión de los datos; pero las tres regresiones son altamente significativas.

Tabla 16. Regresiones cuadráticas de la Altura de la planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

Sub-tabla 16a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1	a2
Cuadrático	,298	9,961	2	47	,000	222,860	3,530	-1,550
Modelo: $\text{Altura_Tradicional} = a0 + a1*\text{Ciclo} + a2*\text{Ciclo}^2$								

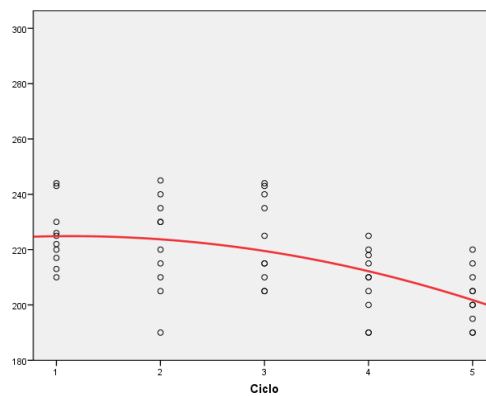


Figura 16. Gráfica de la regresión cuadrática para el método tradicional

Sub-tabla 16b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1	b2
Cuadrático	,365	13,535	2	47	,000	187,278	39,304	-7,084
Modelo: $\text{Altura_Organogénesis} = b0 + b1*\text{Ciclo} + b2*\text{Ciclo}^2$								

Sub-tabla 16c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1	c2
Cuadrático	,320	11,045	2	47	,000	198,590	36,873	-6,807
Modelo: $\text{Altura_Embriogénesis} = c0 + c1*\text{Ciclo} + c2*\text{Ciclo}^2$								

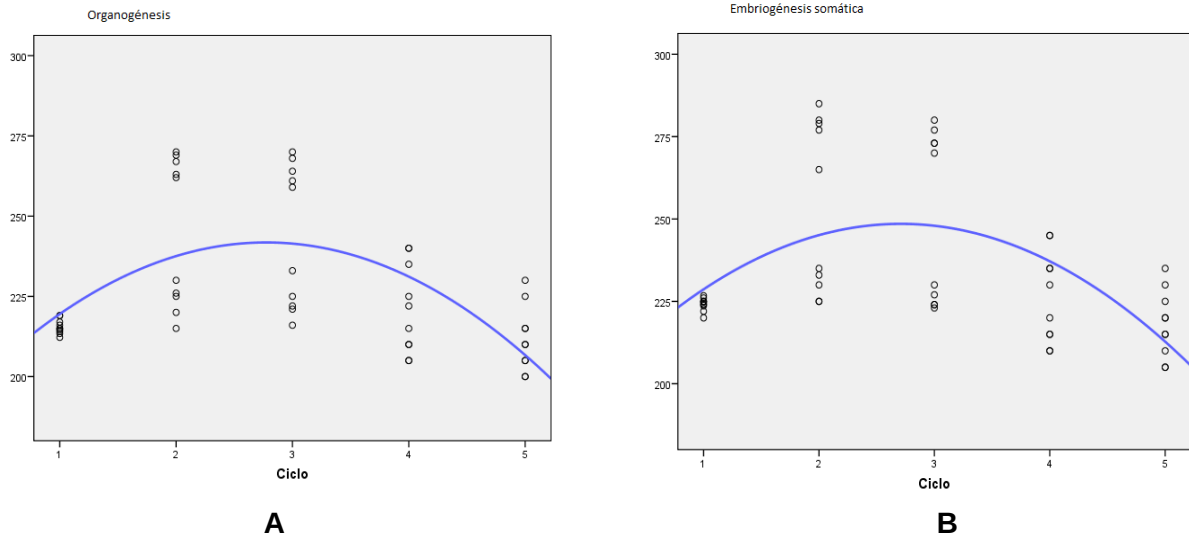


Figura 17. Gráfica de la regresión cuadrática para el método por organogénesis (A) y para el método por embriogénesis somática (B)

Posteriormente, se utilizaron las ecuaciones cuadráticas de regresión para comparar el método tradicional con los dos nuevos métodos de propagación, mediante los comandos del paquete *Mathematica*, para determinar el punto de corte donde se alcanza la igualdad. En la contraposición Organogénesis - Tradicional el punto de corte se obtiene para aproximadamente el Ciclo 5 y resultados similares ocurren en la contraposición Embriogénesis somática - Tradicional. Los gráficos de la Figura 18, ilustran estos resultados.

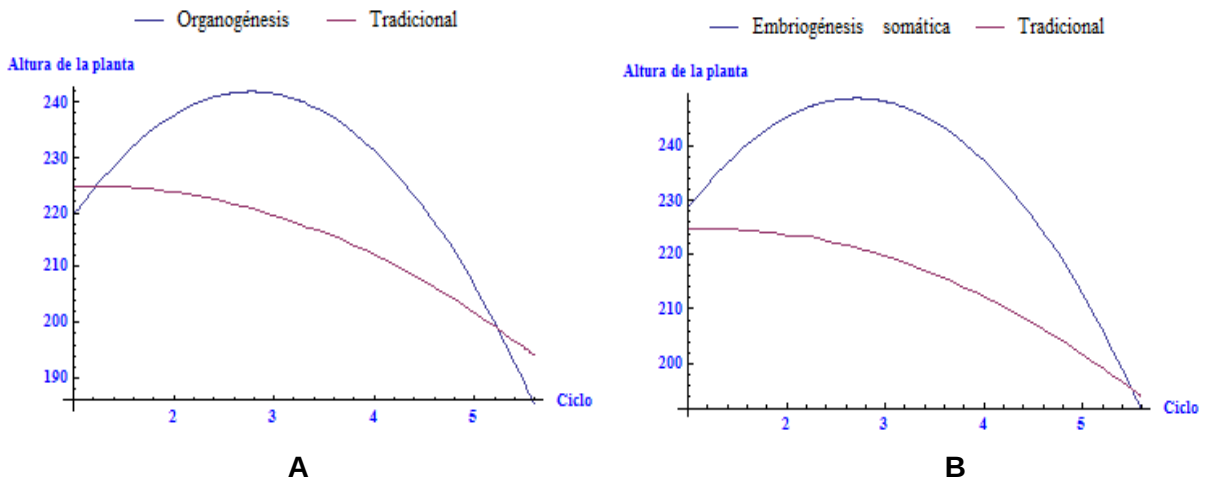


Figura 18. Punto de corte para la Altura de la planta entre Organogénesis - Tradicional (A) y entre Embriogénesis somática - Tradicional (B), mediante regresiones cuadráticas

En la Tabla 17, se muestran los resultados del empleo de regresiones exponenciales respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación. La regresión exponencial con los datos del método de propagación tradicional resultó exitosa (significación 0,000) (Sub-tabla 17a); pero dicha regresión no tuvo resultados buenos con los nuevos métodos de propagación donde la significación fue de 0,119 para la organogénesis (Sub-tabla 17b) y apenas 0,068 para la embriogénesis somática (Sub-tabla 17c). Se descarta así el uso de estas distribuciones en la

estimación de los puntos de corte. Definitivamente las regresiones exponenciales no son capaces de captar los máximos locales alrededor del ciclo 3 (Anexo 18).

Tabla 17. Regresiones exponenciales de la Altura de la planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

Sub-tabla 17a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros	
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1
Exponencial	,274	18,087	1	48	,000	233,913	-,027
Modelo: $\text{Altura_Tradicional} = a0 * \text{Exp}(a1 * \text{Ciclo})$							

Sub-tabla 17b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros	
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1
Exponencial	,050	2,514	1	48	,119	236,078	-,014
Modelo intentado: $\text{Altura_Organogénesis} = b0 * \text{Exp}(b1 * \text{Ciclo})$							

Sub-tabla 17c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros	
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1
Exponencial	,068	3,491	1	48	,068	245,444	-,017
Modelo intentado: $\text{Altura_Embriogénesis} = c0 * \text{Exp}(c1 * \text{Ciclo})$							

Entonces, se decide hacer regresiones gaussianas para cada uno de los nuevos métodos de propagación: organogénesis y embriogénesis somática. Los resultados se muestran en el Anexo 19, en la parte superior para el método de organogénesis y en la parte inferior para embriogénesis somática. Se encontró que para ambos métodos las regresiones gaussianas son altamente significativas. Además, se muestra en cada caso la estimación de los coeficientes, su significación según el test de Student, la tabla ANOVA y el valor de R cuadrado ajustado, siempre superior a 0,99. En la Figura 19, se puede observar el comportamiento gráfico del resultado.

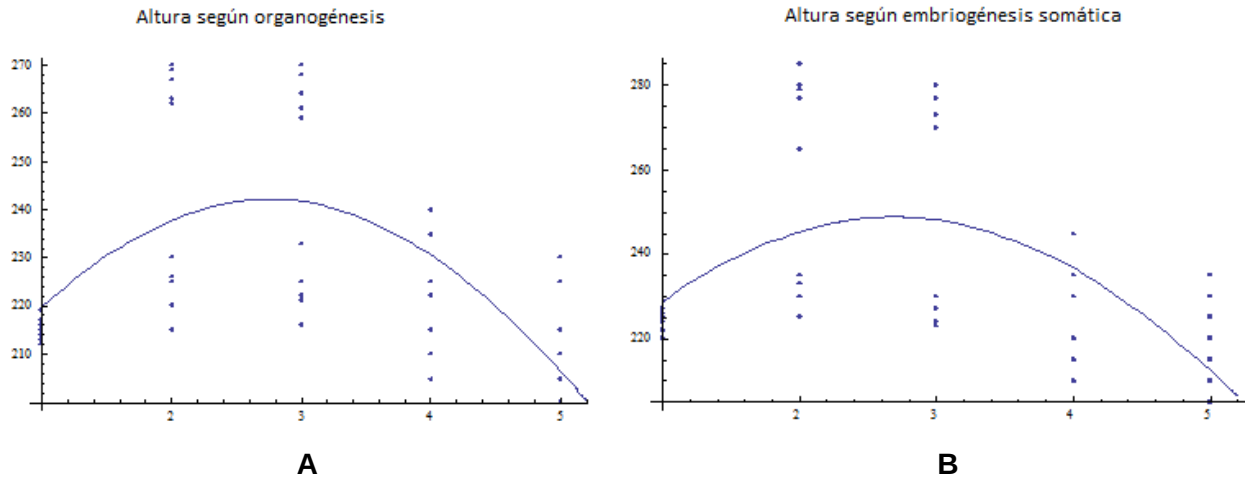


Figura 19. Gráficos de la regresión gaussiana para el método de propagación por organogénesis (A) y embriogénesis somática (B)

En general, se corroboraron los resultados de la determinación del punto de corte de la Altura de la planta entre cada uno de los nuevos métodos de propagación respecto al tradicional. Para el método tradicional se utilizó la regresión exponencial, mientras que para los nuevos métodos de propagación se usaron las regresiones gaussianas recientemente obtenidas. En la parte superior del Anexo 20, se hace el cálculo de la igualdad del punto de corte Organogénesis-Tradicional y en la parte inferior, para Embriogénesis somática-Tradicional. Todos los cálculos se realizaron con el paquete estadístico *Mathematica* para garantizar exactitud y los comandos y sus resultados se ilustran en dicho anexo. Se demostró que, en ambos nuevos métodos de propagación, la igualdad con el tradicional se alcanza solo en el ciclo 5. Debido a lo anterior, no se puede afirmar que se puede lograr la igualdad de la altura de la planta en el ciclo 4 (Figuras 20 y 21).

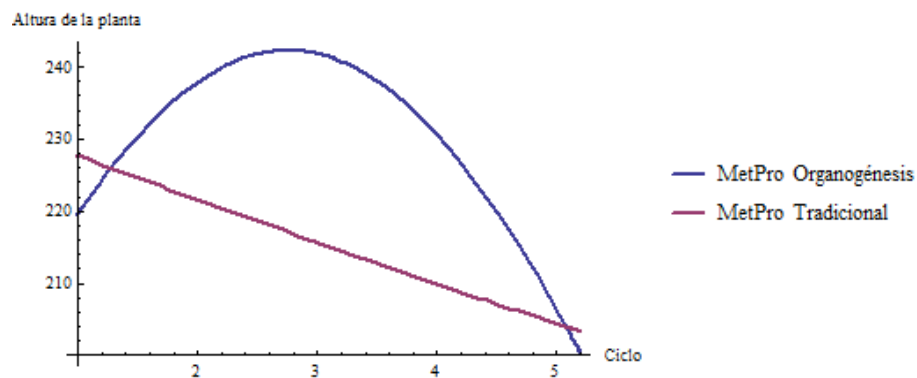


Figura 20. Punto de corte para la Altura de la planta entre Organogénesis - Tradicional utilizando regresión gaussiana para el nuevo método de propagación y regresión exponencial para el método tradicional

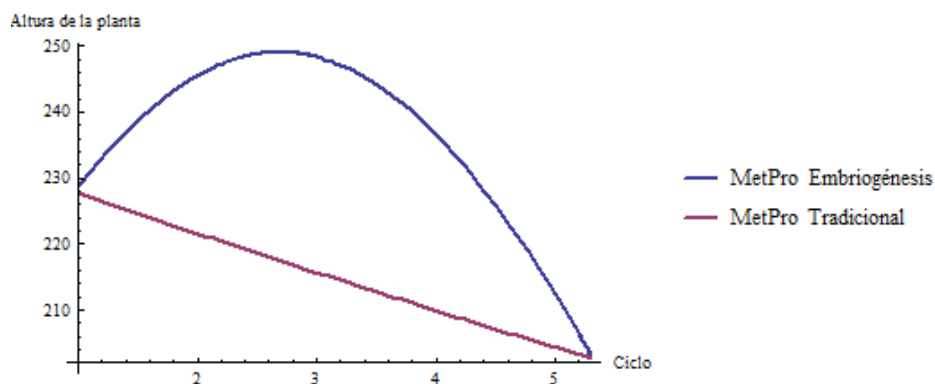


Figura 21. Punto de corte para la Altura de la planta entre Embriogénesis somática - Tradicional utilizando regresión gaussiana para el nuevo método de propagación y regresión exponencial para el método tradicional

3.4.2. Altura de la primera ramificación (cm)

En la Tabla 18, se muestran los resultados de las regresiones cuadráticas de la Altura de la primera ramificación de la planta respecto a los ciclos, para cada uno de los métodos de propagación. Se obtuvo la estimación de los parámetros y se ilustra gráficamente la regresión para el método de propagación tradicional (Sub-tabla 18a y Figura 22), por organogénesis (Sub-tabla 18b y Figura 23-A) y por embriogénesis somática (Sub-tabla 18c y Figura 23-B). Se puede observar que en cada uno de los métodos existe una cierta dispersión de los datos; y solo en los métodos de organogénesis y embriogénesis somática las regresiones son altamente significativas, pero parecen lineales, más que cuadráticas.

Tabla 18. Regresiones cuadráticas de la Altura de la primera ramificación de la planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

Sub-tabla 18a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1	a2
Cuadrático	,019	,454	2	47	,638	114,360	-6,294	,486

Modelo: $PriRam = a_0 + a_1 * Ciclo + a_2 * Ciclo^2$

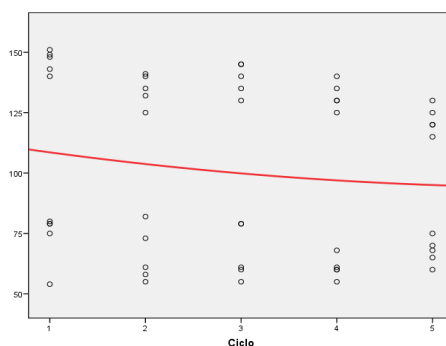


Figura 22. Gráfica de la regresión cuadrática para el método tradicional

Sub-tabla 18b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm.

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1	b2
Cuadrático	,225	6,809	2	47	,003	175,148	-13,749	-,277

$$\text{PriRam_Organogénesis} = b_0 + b_1 \cdot \text{Ciclo} + b_2 \cdot \text{Ciclo}^2$$

Sub-tabla 28c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm.

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1	c2
Cuadrático	,250	7,833	2	47	,001	186,080	-15,210	-,150

$$\text{Modelo: PriRam_Embriogénesis} = c_0 + c_1 \cdot \text{Ciclo} + c_2 \cdot \text{Ciclo}^2$$

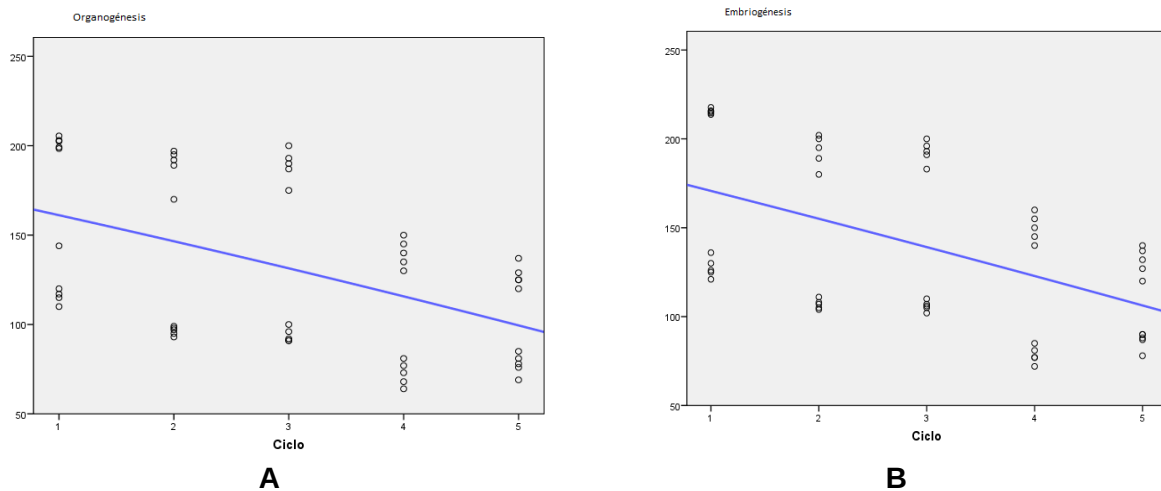


Figura 23. Gráfica de la regresión cuadrática para el método organogénesis (A) y para el método embriogénesis somática (B)

En la Tabla 19, se muestran los resultados del análisis al utilizar regresiones exponenciales en lugar de cuadráticas. La regresión exponencial con los datos del método de propagación tradicional tampoco resultó exitosa (significación 0,427) (Sub-tabla 19a y Figura 24); pero dicha regresión tuvo resultados buenos con los nuevos métodos de propagación con significaciones 0,001 para la organogénesis (Sub-tabla 19b y Figura 25-A) y de 0,000 para la embriogénesis somática (Sub-tabla 19c y Figura 25-B) e incluso se ilustran mejor la curvatura de los datos en estos métodos; pero los valores de R cuadrado son inferiores a los que se obtienen con las regresiones cuadráticas.

Tabla 19. Regresiones exponenciales de la Altura de la primera ramificación de la planta respecto a los ciclos

Sub-tabla 19a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros	
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1
Exponencial	,013	,641	1	48	,427	103,273	-,030

Modelo: PriRam_Tradicional = $a_0 \cdot \text{Exp}(a_1 \cdot \text{Ciclo})$

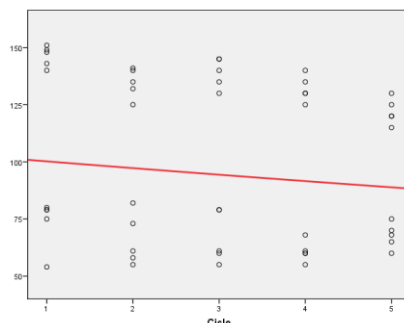


Figura 24. Gráfica de la regresión exponencial para el método tradicional

Sub-tabla 19b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros	
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1
Exponencial	,222	13,728	1	48	,001	175,824	-,120

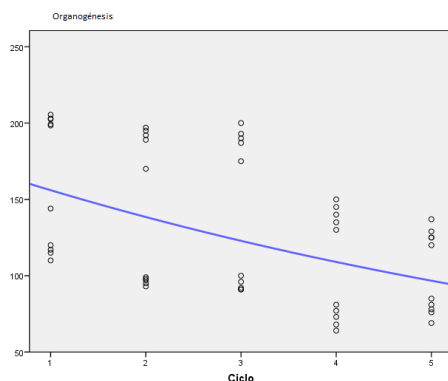
Modelo: PriRam_Organogénesis = $b_0 \cdot \text{Exp}(b_1 \cdot \text{Ciclo})$

Sub-tabla 19c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

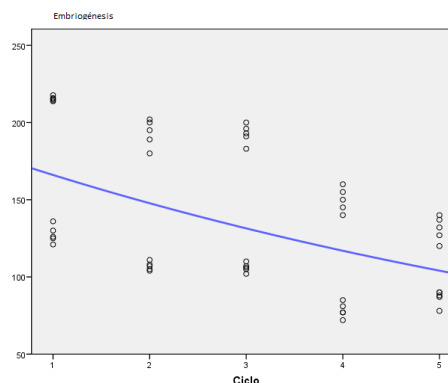
Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros	
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1
Exponencial	,247	15,755	1	48	,000	186,589	-,117

Modelo: PriRam_Embriogénesis = $c_0 \cdot \text{Exp}(c_1 \cdot \text{Ciclo})$



A



B

Figura 25. Gráfica de la regresión exponencial para el método por organogénesis (A) y para el método por embriogénesis somática (B)

Posteriormente, se realizó un intento de regresión cúbica con los datos de la Altura de la primera ramificación en los diferentes ciclos, según el método de propagación tradicional. Tampoco, este tipo de regresión resultó significativa, aunque el R cuadrado alcanzó un valor bastante alto (0,88417) (Anexo 21). Definitivamente, no es posible obtener un modelo de regresión suficientemente bueno para estos datos porque las dispersiones en cada ciclo son muy marcadas y no vale la pena intentar con modelos de polinomios de más alto grado. Pero al menos el modelo cúbico intenta cubrir las curvaturas de la mediana de los datos en cada ciclo y muestra una tendencia decreciente final que apunta hacia un encuentro con las regresiones de los nuevos métodos de propagación que son descendentes, aunque dicha igualdad se alcance después del ciclo 5 (Figura 26).

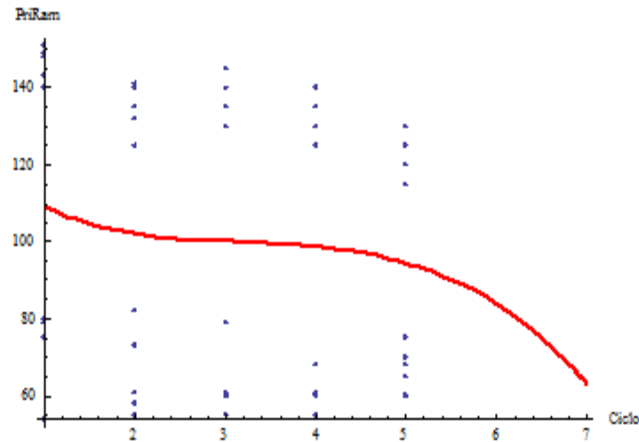


Figura 26. Gráfica de regresión cúbica de la Altura de la primera ramificación según el método de propagación tradicional

Se investigó la posibilidad de la determinación aproximada del punto de corte o de igualdad del método tradicional y los nuevos métodos de propagación. En el caso de Organogénesis - Tradicional se obtienen dos intersecciones (5,71 y 6,67) bastante bien definidas (Figura 27-A). En caso de Embriogénesis - Tradicional, hay una solución real trivial y dos soluciones complejas conjugadas, pues no se alcanza la igualdad (Figura 27-B). Estas soluciones complejas tienen parte real alrededor del ciclo 6 (6,25). Lo que queda definitivamente probado es que no hay razones para afirmar que los nuevos métodos de propagación iguallen la altura de la primera ramificación de la planta con la del método tradicional antes del ciclo 5. Los comandos y sus resultados se ilustran en el Anexo 22.

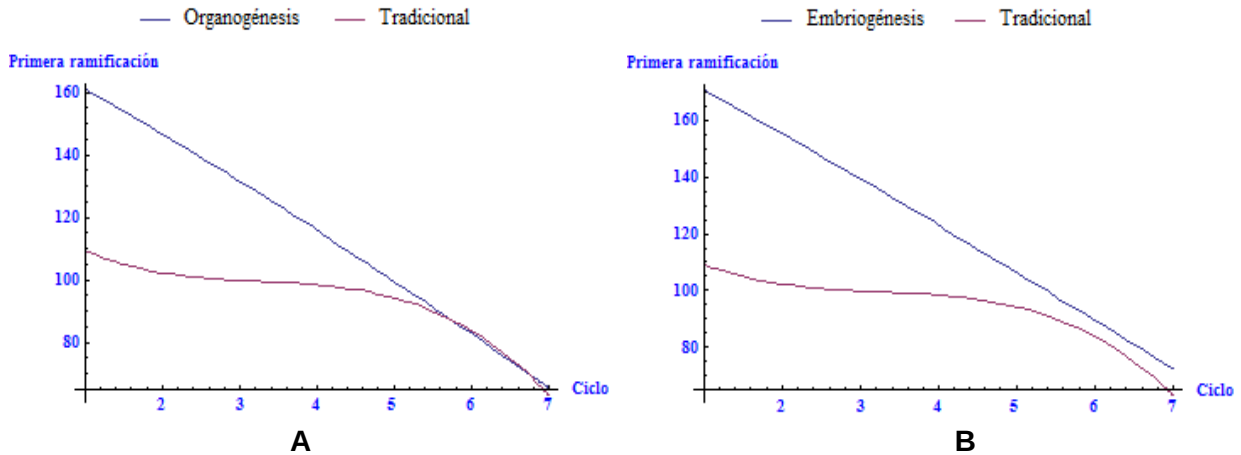


Figura 27. Punto de corte para la Altura de la primera ramificación de la planta entre Organogénesis - Tradicional (A) y entre Embriogénesis somática - Tradicional (B), utilizando regresión cuadrática para los nuevos métodos de propagación y regresión cúbica para el método tradicional

3.4.3. Número de estacas por planta

En la Tabla 20, se muestran los resultados de las regresiones cuadráticas del Número de estacas por planta respecto a los ciclos, para cada uno de los métodos de propagación. Todos los cálculos y gráficos se hacen con el paquete *Mathematica* para garantizar exactitud; los comandos y sus resultados se ilustran en el Anexo 23.

Se obtuvo la estimación de los parámetros y se ilustra gráficamente la regresión para el método de propagación tradicional (Sub-tabla 20a y Figura 28), por organogénesis (Sub-tabla 20b y Figura 29-A) y por embriogénesis somática (Sub-tabla 20c y Figura 29-B). En cada uno de los métodos existe una cierta dispersión de los datos; y de hecho ninguna de ellas es estadísticamente significativa y no pueden mejorarse elevando el grado del polinomio de regresión ni sustituyéndolas por regresiones exponenciales. De cualquier manera, expresan las tendencias y ayudarán a estimar aproximadamente el punto de corte.

Tabla 20. Regresiones cuadráticas del Número de estacas por planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

Sub-tabla 20a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1	a2
Cuadrático	,010	,234	2	47	,793	10,241	,475	-,121

Modelo: Est_Pla_Tradicional=ao+a1*Ciclo+a2*Ciclo^2

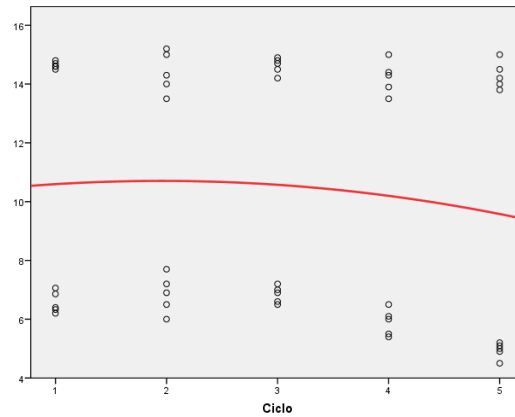


Figura 28. Gráfica de la regresión cuadrática para el método tradicional

Sub-tabla 20b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1	b2
Cuadrático	,023	,547	2	47	,582	10,202	1,807	-,351

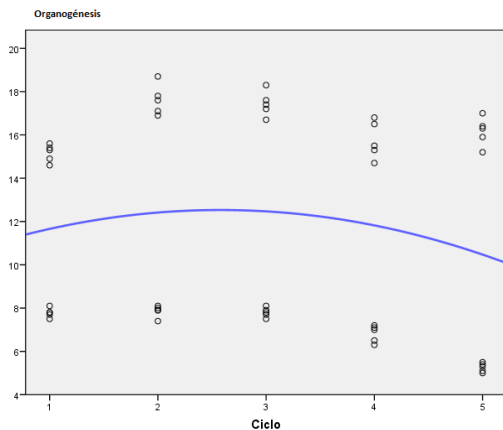
Modelo: Est_Plan_Organogénesis: $b_0 + b_1 \cdot \text{Ciclo} + b_2 \cdot \text{Ciclo}^2$

Sub-tabla 20c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

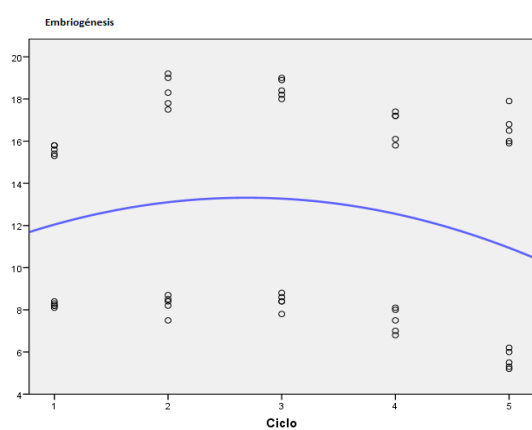
Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1	c2
Cuadrático	,029	,708	2	47	,498	10,090	2,398	-,446

Modelo: Est_Pla_Embriogénesis = $c_0 + c_1 \cdot \text{Ciclo} + c_2 \cdot \text{Ciclo}^2$



A



B

Figura 29. Gráfica de la regresión cuadrática para el método por organogénesis (A) y para el método por embriogénesis somática (B)

Posteriormente, se investigó la posibilidad de estimación aproximada del punto de corte o de igualdad del método tradicional y los nuevos métodos de propagación. En el caso de

Organogénesis - Tradicional se obtiene la igualdad después del ciclo 5 (5,76) (Figura 30-A). En el caso de Embriogénesis somática - Tradicional, se obtiene la igualdad del número de estacas por planta más allá del ciclo 5 (5,76) y en el caso de Embriogénesis - Tradicional ocurre también (5,84) (Figura 30-B) por lo que queda definitivamente probado es que no hay razones para afirmar que los nuevos métodos de propagación igualen el número de estacas por planta con la del método tradicional antes del ciclo 5.

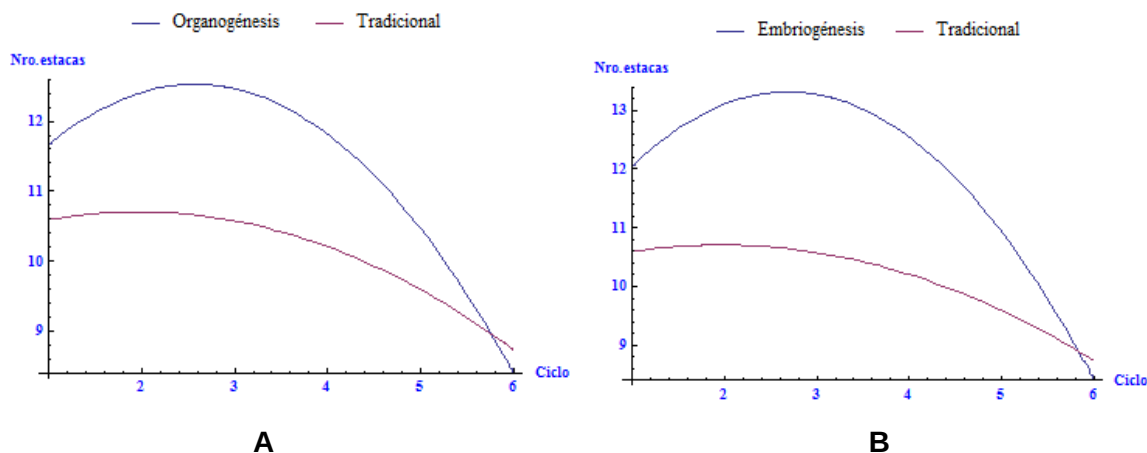


Figura 30. Punto de corte para el Número de estacas por planta entre Organogénesis - Tradicional (A) y entre Embriogénesis somática - Tradicional, utilizando regresión cuadrática

3.4.4. Número de raíces por planta

En la Tabla 21, se muestran los resultados de las regresiones cuadráticas del Número de raíces por planta respecto a los ciclos, para cada uno de los métodos de propagación. Se obtiene la estimación de los parámetros y se ilustra gráficamente la regresión para el método de propagación tradicional (Sub-tabla 21a y Figura 31), para organogénesis (Sub-tabla 21b y Figura 32-A) y para embriogénesis somática (Sub-tabla 21c y Figura 32-B). En cada uno de los métodos existe una cierta dispersión de los datos; pero todas ellas resultan estadísticamente significativas y sirven para determinar con bastante exactitud, el punto de corte o igualdad.

Tabla 21. Regresiones cuadráticas del Número de raíces por planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

Sub-tabla 21a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1	a2
Cuadrático	,231	7,040	2	47	,002	7,482	-,217	,011

Modelo: Rai_Pla_Tradicional= $a_0+a_1*\text{Ciclo}+a_2*\text{Ciclo}^2$

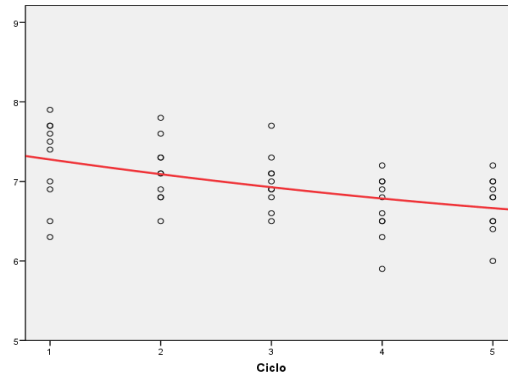


Figura 31. Gráfica de la regresión cuadrática para el método tradicional

Sub-tabla 21b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1	b2
Cuadrático	,065	46,732	2	47	,000	1,994	4,816	-,756

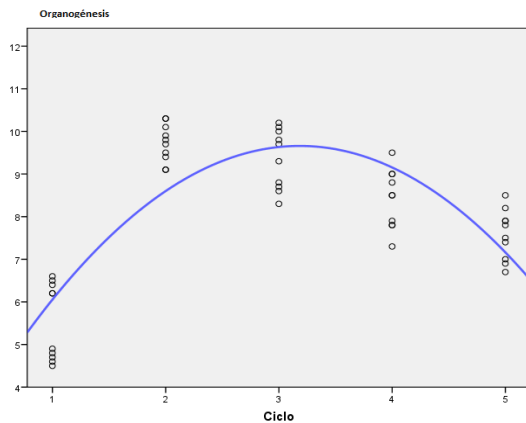
Modelo: Rai_Plan_Organogénesis: $b_0 + b_1 \cdot \text{Ciclo} + b_2 \cdot \text{Ciclo}^2$

Sub-tabla 21c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

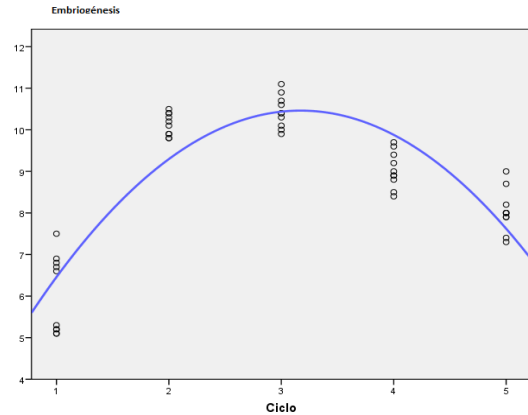
Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1	c2
Cuadrático	,777	81,679	2	47	,000	1,920	5,387	-,849

Modelo: Rai_Pla_Embriogénesis: $c_0 + c_1 \cdot \text{Ciclo} + c_2 \cdot \text{Ciclo}^2$



A



B

Figura 32. Gráfica de la regresión cuadrática para el método por organogénesis (A) y para el método por embriogénesis somática (B)

Posteriormente, se utilizaron las ecuaciones cuadráticas de regresión para comparar el método tradicional con los dos nuevos métodos de propagación en la aproximación del ciclo o punto de corte donde se alcanza la igualdad, mediante los comandos del paquete *Mathematica* (Anexo

24). En el caso de Organogénesis - Tradicional se obtiene la igualdad después del ciclo 5 (5,18) (Figura 33-A). En el caso de Embriogénesis somática - Tradicional, se obtiene la igualdad del Número de raíces por planta también más allá del ciclo 5 (5,29) (Figura 33-B). Lo que queda definitivamente probado es que no hay razones para afirmar que los nuevos métodos de propagación igualen el Número de raíces por planta con el del método tradicional antes del ciclo 5.

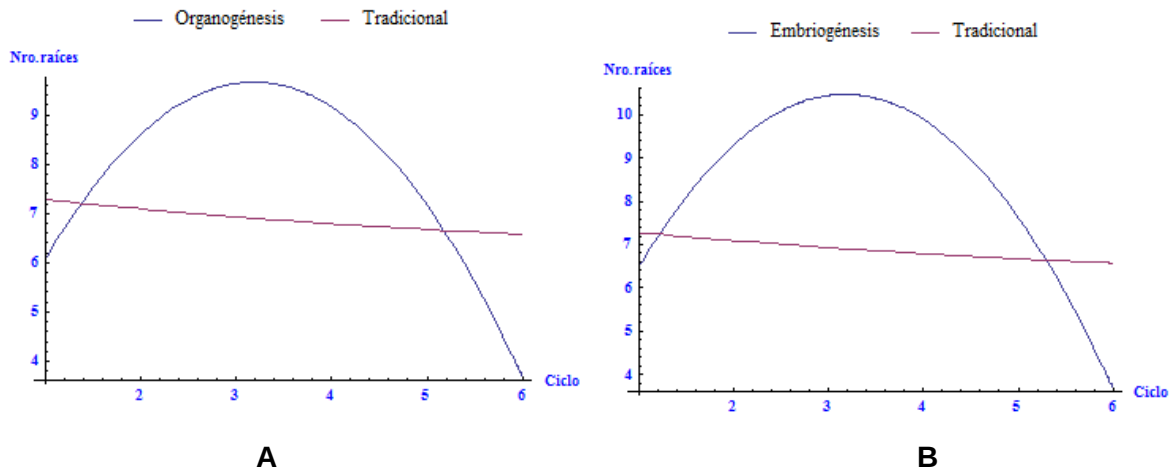


Figura 33. Punto de corte para el Número de raíces por planta entre Organogénesis - Tradicional (A) y entre Embriogénesis somática - Tradicional, utilizando regresiones cuadráticas

3.4.5. Rendimiento (kg/planta)

En la Tabla 22, se muestran los resultados de las regresiones cuadráticas del Rendimiento por planta respecto a los ciclos, para cada uno de los Métodos de propagación. Todos los cálculos y gráficos de la Tabla 22 se hacen con el paquete *Mathematica* para garantizar exactitud; los comandos y sus resultados se ilustran en el Anexo 25. Se obtiene la estimación de los parámetros y se ilustra gráficamente la regresión para el método de propagación tradicional (Sub-tabla 22a y Figura 34), por organogénesis (Sub-tabla 22b y Figura 35-A) y por embriogénesis somática (Sub-tabla 22c y Figura 35-B). Todas las regresiones resultan estadísticamente significativas a pesar de cierta dispersión de los datos, y sirven para determinar con bastante exactitud, el punto de corte o igualdad.

Tabla 22. Regresiones cuadráticas del Rendimiento en kg por planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

Sub-tabla 22a. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación tradicional

Variable dependiente: Rendimiento/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	a0	a1	a2
Cuadrático	,142	3,887	2	47	,027	2,342	-,043	-,011

Modelo: Rendimiento_Tradicional= $a_0+a_1*\text{Ciclo}+a_2*\text{Ciclo}^2$

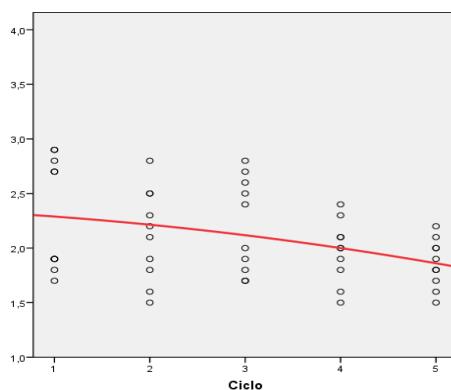


Figura 34. Gráfica de la regresión cuadrática para el método tradicional

Sub-tabla 22b. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por organogénesis

Variable dependiente: Rendimiento/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	b0	b1	b2
Cuadrático	,381	14,494	2	47	,000	,832	1,435	-,243

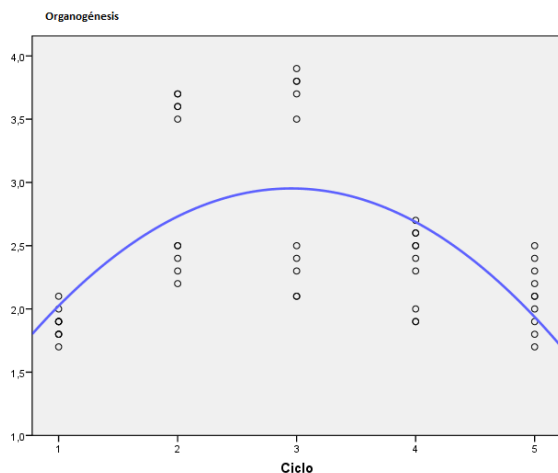
Modelo: Rendimiento_Organogénesis: $b_0 + b_1 \cdot \text{Ciclo} + b_2 \cdot \text{Ciclo}^2$

Sub-tabla 22c. Estimaciones de los parámetros para el método de propagación por embriogénesis somática

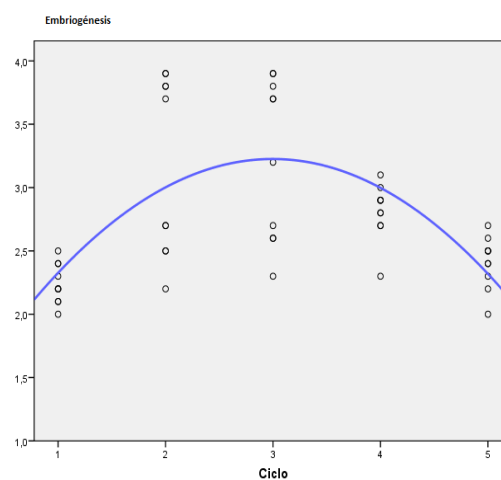
Variable dependiente: Rendimiento/Planta

Ecuación	Resumen del modelo					Estimaciones de los parámetros		
	R cuadrado	F	gl1	gl2	Sig.	c0	c1	c2
Cuadrático	,420	17,029	2	47	,000	1,200	1,352	-,226

Modelo: Rendimiento_Embriogénesis: $c_0 + c_1 \cdot \text{Ciclo} + c_2 \cdot \text{Ciclo}^2$



A



B

Figura 35. Gráfica de la regresión cuadrática para el método por organogénesis (A) y para el método por embriogénesis somática (B)

Finalmente, se investigó la estimación del punto de corte o de igualdad del método tradicional y los nuevos métodos utilizando estas regresiones cuadráticas. En el caso de Organogénesis - Tradicional se obtiene la igualdad después del ciclo 5 (5,09) (Figura 36-A). En el caso de Embriogénesis - Tradicional, se obtiene la igualdad del Número de raíces por planta también más allá del ciclo 5 (5,53) (Figura 36-B). Lo que queda definitivamente probado es que no hay razones para afirmar que los nuevos métodos de propagación igualen el Rendimiento por planta con el del método tradicional antes del ciclo 5.

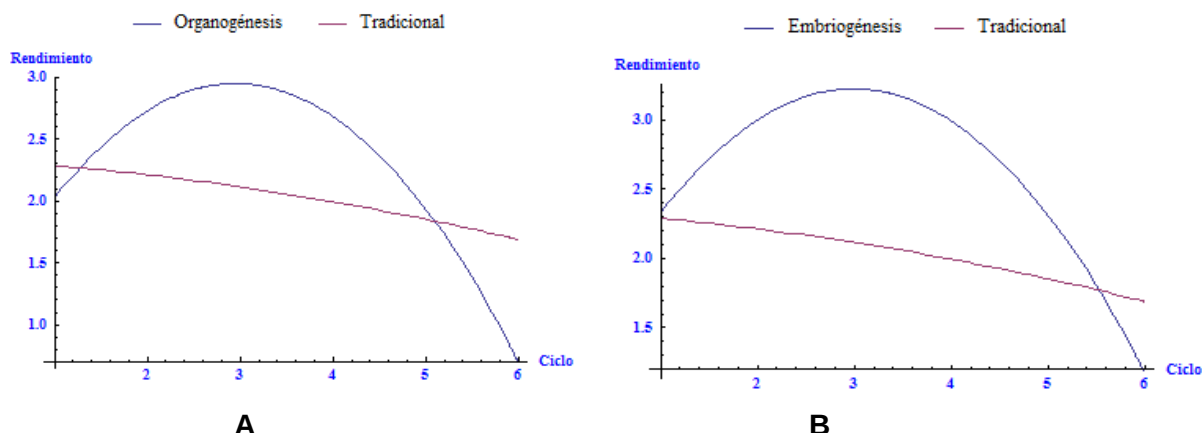


Figura 36. Punto de corte para el Rendimiento por planta entre Organogénesis - Tradicional (A) y entre Embriogénesis somática - Tradicional, utilizando regresiones cuadráticas

En la siguiente tabla se resumen los puntos de corte entre los nuevos métodos de producción de “semilla” y el método tradicional de propagación, además se incluyen los valores de las diferencias en los ciclos 4 y 5.

Variables	Comparación	Resultados de acuerdo a las regresiones		
		Diferencia en ciclo 4	Diferencia en ciclo 5	Ciclo o momento de igualdad
Altura de la planta (cm)	Organogénesis-Tradicional	-20,66	-1,99	5,08
	Embriogénesis-Tradicional	-26,66	-8,05	5,32
Altura de la primera ramificación (cm)	Organogénesis-Tradicional	-17,30	-5,22	6,67
	Embriogénesis-Tradicional	-24,42	-12,03	6,25
Número de estacas por	Organogénesis-Tradicional	-1,61	-0,87	5,76
	Embriogénesis-Tradicional	-2,34	-1,34	5,84
Número de raíces por planta	Organogénesis-Tradicional	-2,37	-0,50	5,18
	Embriogénesis-Tradicional	-3,09	-0,96	5,29
Rendimiento (kg/planta)	Organogénesis-Tradicional	-0,69	-0,08	5,09
	Embriogénesis-Tradicional	-1,00	-0,46	5,53

3.5. Conclusiones parciales del capítulo

Después de la aplicación práctica de los fundamentos expuestos teóricamente en el Capítulo 2, se lograron los resultados esperados con el siguiente proceder matemático:

Utilizar el *SPSS* para:

Hacer el análisis descriptivo de datos, que alumbran los posibles resultados a obtener, y que finalmente permitirán interpretar los obtenidos.

Ranquear la variable dependiente, al estilo de como lo haría el test de Kruskal-Wallis.

- a. Aplicar el análisis de varianza sobre la variable dependiente ya ranqueada, para obtener la suma de cuadrados, y de paso obtener los test de rangos sobre cualquier factor con más de dos niveles.
2. Utilizar después el paquete *Mathematica* (podría ser incluso el Excel) para implementar como tal, el test bifactorial no paramétrico, y en particular:
 - a. Usar las sumas de cuadrados de los rangos y sus grados de libertad obtenidas en el paso anterior.
 - b. Recalcular con el *Mathematica*, el valor de CMT, los valores de H y las diferencias honestamente significativas, desde el punto de vista no paramétrico, debidas a efectos principales y/o su interacción, pero acorde a la nueva teoría.
3. Con los resultados del *Mathematica*, regresar a las salidas del *SPSS* para:
 - a. Interpretar los resultados generales. Ello se logra con las estadísticas descriptivas proporcionadas del *SPSS* en la primera parte. Debe ser re-visualizado de manera que evidencie la influencia de uno u otro factor y su posible interacción.
 - b. Interpretar los resultados post-hoc del *SPSS* sobre factores con más de dos niveles. Ello se puede visualizar a través de las estadísticas descriptivas de conformación de grupos homogéneos que proporciona el propio ANOVA.
4. Determinar los puntos de corte mediante las ecuaciones de regresión teniendo en cuenta las curvas de mejor ajuste.

Finalmente, se logró determinar que el modelo de regresión cuadrática es el de mejor ajuste y a través de su aplicación se encontraron los puntos de igualdad entre los nuevos métodos de producción de “semilla” y el método tradicional de propagación para cuatro de las cinco variables evaluadas, a pesar de esto se demostró que para esta variable el punto de corte se alcanza antes del quinto ciclo, resultado obtenido en las demás variables.

Conclusiones Generales

Conclusiones Generales

1. Se demostró que de los modelos aplicados, el de mayor ajuste fue el modelo de regresión cuadrática, aunque los demás corroboraron la respuesta obtenida.
2. Se determinó que de las cinco variables seleccionadas, cuatro de ellas mostraron de forma precisa el punto de igual de las plantas producidas *in vitro* con relación a las propagadas por el método tradicional.
3. Se definió un proceder matemático que permitió el procesamiento estadístico de los datos, la estimación de los puntos de cortes y definir la durabilidad del efecto de rejuvenecimiento en plantas micropropagadas de yuca.
4. Se logró determinar que son factibles 5 ciclos de cultivo en campo en las plantas producidas por métodos biotecnológicas, lo cual permite establecer la estrategia de renovación del material de plantación para la producción de “semilla” categorizada en el cultivo de la yuca.

Recomendaciones

Recomendaciones

1. Aplicar el proceder matemático establecido para otros genotipos de interés económico en Cuba y el mundo.
2. Utilizar las plantas procedentes de la propagación masiva *in vitro* como material de plantación en el esquema de producción de “semilla” categorizada durante cinco ciclos de cultivo en campo.

Referencias Bibliográficas

Referencias Bibliográficas

- Agresti, A. (1990). *Categorical data analysis*, New York, John Wiley and Sons.
- Bernstein, S. & Bernstein, R. (eds.) (1998)l. *Elements of Statistics I. Descriptives Statistics and Probability*, U.S.A.: McGraw-Hill.
- Bernstein, S. & Bernstein, R. (eds.) (1999). *Elements of Statistics II: Inferential Statistics*, U.S.A.: McGraw-Hill.
- Bertram, R.B.(1993). Application of molecular techniques to genetic resources of cassava (*Manihot esculenta*, Crantz - *Euphorbiaceae*): interespecific evolutionary relationships and intraspecific characterization. Ph.D. dissertation. U.S.A:University of Maryland, 464 p.
- Best, R.; G. Henry. (1994). Cassava: towards the year. 2000. Report of the First Meeting of International Network for Cassava Genetic Resources. CIAT. *International Crop Network*. 10. p.179.
- Ceballos, H. (2002). La yuca en Colombia y el mundo: nuevas perspectivas para un cultivo milenario. In: Ospina, B.C.H. (ed.) *La yuca en el tercer milenio: sistemas modernos de producción, procesamiento, utilización y comercialización* Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT).
- Chávez, D. (2013). La Matemática: una herramienta aplicable a la Ingeniería Agrícola. *Revista Ciencias Técnicas Agropecuarias* (22).
- Conover, W. J. (1980). *Practical non parametric statistics*, 2nd. ed., New York, John Wiley and Sons.
- Cock, J.H. (1989). *La yuca, nuevo potencial para un cultivo tradicional*. Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical. 240 p.
- Domínguez, C.E., Ceballos, L.F. & Fuente, C. (eds.) (1983). *Morfología de la planta de yuca*, Cali, Colombia: PND/CIAT, Centro Internacional de Agronomía Tropical.
- Escalant, J.; Teisson.C. (1989). Somatic embryogenesis and plant from immature zygotic embryos of the species *Musa acuminata* and *Musa balbisiana*. *Plant Cell Reports*, 7: 665-668.
- Escobar, R.H.; N.C. Manrique; A. Ríos; G. Mafla; D. Debouck; J. Tohme. (2004). Implementation of the encapsulation-dehydration cryopreservation method for the cassava core collection. Sixth International Scientific Meeting of the Cassava Biotechnology Network. Abstracts. 8-14 March 2004, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 129.
- FAO. (2016). Los datos de FAOSTAT. Recuperado de <http://www.fao.org>.
- FAOSTAT. (2015). Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Dirección de estadística. Recuperado de "<http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>"
- Fukuda, W.M.G.; Guevara, C. L. (1998). Descriptores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta*, Crantz). Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMP. Documento 78, 38 p.
- Freedman, D. A. (2005). *Statistical Models: Theory and Practice*. Cambridge.
- Fregene, M.; J. Tohme; W. Roca; P. Chavarriaga; R. Escobar; H. Ceballos. (2002). Biotecnología para la yuca. Capítulo 21. En: Ospina, B.; H. Ceballos (Eds.). *La yuca en el tercer milenio: sistemas modernos de producción, procesamiento, utilización y comercialización*. CIAT, Cali, Colombia, p. 377-405.

- Gómez, R. (1998). Embriogénesis somática. En: Pérez, J.N. (Ed.). *Propagación y Mejora Genética de Plantas por Biotecnología*. Instituto de Biotecnología de las Plantas. Universidad Central "Marta Abreu" de Las Villas, Santa Clara, Cuba. 57-79.
- Gibbons, J. D. (1985). *Nonparametric statistical inference*, 2nd. ed., New York, Marcel Dekker.
- Grau, R. (ed.) (1994). *Estadística aplicada con ayuda de paquetes de software*, Jalisco, México: Editorial universitaria Guadalajara.
- Hernández, R.; Bermúdez, D.; González, J. & Pairol, A. (1999). Detección de RNAdc viral en muestras de yuca del clon 'CMC-40'. *Centro Agrícola*, 26(4): 61-66.
- Hernández, A.; Pérez, J.M.; Bosch, D. & Castro, N. (2015). *Clasificación de los suelos de Cuba*. Mayabeque, Cuba: Ediciones INCA. Instituto de Suelos. 91p.
- Hollander, M. & Wolfe, D.A. (1973). *Nonparametric statistical methods*. New York, John Wiley and Sons.
- Jiménez, E. & De Fera, M. (1998). Empleo de biorreactores para la propagación masiva, Cap. 12. In: Pérez, J. N. (ed.) *Propagación y Mejora Genética de Plantas por Biotecnología*. Santa Clara, Cuba: Instituto de Biotecnología de las Plantas, Universidad Central "Marta Abreu" de Las Villas.
- Krikorian, A.D. (1991). Propagación clonal *in vitro*. En: Roca W.M.; Mroginski L.A. (Eds.). *Cultivo de tejidos en la Agricultura: Fundamentos y Aplicaciones*. Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), p. 95-125.
- Lehmann, E. L. (1975). *Nonparametrics: Statistical methods based on ranks*, Sn Franciso: Holden-Day.
- Li, H.Q.; Huang, Y.W.; Liang, C.Y. & Guo J.Y. (1995). Improvement of plant regeneration from secondary embryos of cassava. In: The Cassava Biotechnology Network: Proceedings of the Second International Scientific Meeting, Bogor, Indonesia, 22-26 August 1994. --Cali, Colombia: CIAT. 2v. – (Working document No. 150). p. 289-302.
- López, M.; Vázquez, E.; López, R. (1984). *Raíces y Tubérculos*. Ciudad de La Habana. (Ed.). Pueblo y Educación.
- Mantilla, J.E. 1996. Producción de material de propagación de yuca. En: *La yuca frente al hambre del mundo tropical*. Maracay, Venezuela. p. 35-55.
- Mathews, H.; Schöpke, C.; Carcamo, R.; Chavarriaga, P.; Fauquet, C. & Beachy, R.N. (1993). Improvement of somatic embryogenesis and plant recovery in cassava. *Plant Cell Reports* 12: 328-333.
- Mathlab. & Simulink R. (2007)a. In: MATHWORKS (ed.).
- Medero, V.; C. Borroto; S. Rodríguez; R. Gómez; J. López; M. García; J. Ventura; L. Del Sol; M. Cabrera; M. Martínez; M. Torres; Y. Torres; M. Álvarez Y J. García. (2000). Embriogénesis somática a partir de meristemos axilares de yuca. *Biotecnología Vegetal*, 1:21-26.
- Medero V.; Escobar, R; Gallego, G.; Tohme, J. Beovidez, Y. Rodríguez, S. & Gómez Y R. (2002). Determinación por AFLP de la estabilidad genética de plantas de yuca obtenidas por embriogénesis somática y organogénesis. *Biotecnología Vegetal*, 4(2):245-247.
- Medero, V. (2006). *Embriogénesis somática en yuca (Manihot esculenta, Crantz)*. (Tesis de doctorado en Ciencias Agrícolas), Universidad de Ciego de Ávila, Ciego de Ávila.
- Medero, V.; Filipia, R.; Rodríguez, S.; Basail, M.; Santos, A.; Rayas, A.; López, J.; . Arredondo, I; Pino, J.R.; Martínez, M.; Torres, M.; Bravo, Y. & Pons, Y C. (2015). Producción de material de plantación de alta calidad genética y fitosanitaria en yuca. *Agricultura Tropical*, 1(1): 22-32.

- MINAG. Ministerio de la Agricultura. (2012). *Instructivo Técnico para la producción de semillas de viandas*. La Habana, INIVIT-FAO, pp.11-30.
- Mireles, M. & Páez De Casares, J. (1984). Inducción de "roseta" en yuca (*Manihot esculenta*, Crantz) para la propagación múltiple de la planta *in vitro*. En: Montaldo, A. (Ed.). *Avances en las Investigaciones en los Cultivos de Raíces y Tubérculos Tropicales en Venezuela*, 33, 73-81.
- Montaldo, A. (1996). *La yuca frente al hambre del mundo tropical*. Universidad Central de Venezuela, CETOTUP-FEDEAGRO, ANAUCO Ediciones, C.A., 570 p.
- Morales, L.E.; Cuenco, A.; Morales, H.; Gálvez, J.L.; Jiménez, E.; Maza, N. & Rivero, Y. (2013). *Boletín climático del 2do semestre del año 2013. Plegable*. La Habana: Instituto de Investigaciones de Viandas Tropicales (INIVIT).
- Moré, J.J. (1977). The Levenberg-Marquart algorithm: implementation and theory in numerical analysis, In Lectures Notes in Mathematics, G.A.Watson ed, Springer-Verlag.
- Murashige T.; F. Skoog. (1962). A Revised Medium For Rapid Growth And Bioassays With tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum*, 15: 473–497.
- Murillo, F.J. & Martínez-Garrido, Y (2002), C. Capítulo 4. Análisis de varianza. p. 52-57.
- Noerhadi, E. & Widiyanto, S.N. (1982). Callus growth of cassava (*Manihot esculenta*, Crantz). Proceedings of 5th international scientific meeting. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* p. 85-86.
- Ortega, D. R. A. (2000). *Perfeccionamiento de la enseñanza de la Matemática en la carrera de Agronomía*. (Tesis de Master en Ciencias Pedagógicas), Universidad Central "Marta Abreu" de Las Villas., Villa Clara.
- Ospina, B. (2000). *Los caminos mundiales de la yuca se están cruzando. Continente yuquero. Informativo del Consorcio Latinoamericano de Apoyo a la Investigación y Desarrollo de la Yuca*. Colombia: CLAYUCA.
- Perea, M. (1993). Sistemas de propagación clonal y obtención de plantas libres de patógenos. En: *X Curso Nacional: cultivo de tejidos vegetales y sus aplicaciones en la agricultura*, mayo-junio. p. 33-42.
- Raemakers, C.J.J.M. (1993). Primary and cyclic somatic embryogenesis in cassava (*Manihot esculenta*, Crantz). (Thesis Ph.D.), Agricultural University Wageningen, 98 p.
- Reinert, J. (1958). Untersuchungen über die morphogenese an Gewebekulturen. *Ber. Deutsch Bot. Ges.*, 71:15.
- Roca, W.M. & Beltrán, J. (1984). *El cultivo de meristemas para la conservación de germoplasma de yuca in vitro*. Guía de estudio, CIAT. 44 p.
- Roca, W. M., Nolt, B., Mafla, G., Roa, J. & Reyes, R. (1991). Eliminación de virus y propagación de clones en la yuca (*Manihot esculenta*, Crantz). In: Roca, V. M. M., L.A. (ed.) *Cultivo de tejidos en la agricultura: fundamentos y aplicaciones*. Cali, Colombia: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT).
- Rodríguez, S., Folgueras, M., Medero, V. & García, M. (2000). La Yuca En Cuba. In: *Clayuca (ed.) Informe Anual del Consorcio Latinoamericano y del Caribe de Apoyo a la Investigación y Desarrollo de la Yuca*. Colombia.
- Rodríguez, S. (2004). Situación actual y perspectivas de los cultivos varios. In: AGRICULTURA, M. D. L. (ed.) *Informe a la Asamblea Nacional del Poder Popular*. Ciudad de La Habana: Ministerio de la Agricultura.

- Scheffé, H. (1999). *The Analysis of Variance*, USA and Canada, John Wiley & Sons, Inc., Wiley Classics Library.
- Schöpke, C.; Chavarriaga, P.; Fauquet, C. & Beachy, R.N. (1993). Cassava tissue culture and transformation: improvement of culture media and the effect of different antibiotics on cassava. In: Roca, W.M.; Thro, A.M. (Eds.). *Proceedings of the first international scientific meeting of the Cassava Biotechnology Network*, Cartagena, Colombia, 25-28 August 1992. Working Document No. 123. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. p. 140-145.
- Siegel, S. & Castellan, N. J. (1988). *Nonparametrical statistics for the behavioral sciences*, New York, McGraw-Hill.
- Sprent, P. (1993). *Applied nonparametric statistical methods*, 2nd. ed. , London, Chapman and Hall.
- SPSS, I. (2009). SPSS 17 Documentation Recuperado de <http://support.spss.com/Products/ExtSPSSDocumentation/SPSSforWindows/index.html>.
- Stamp, J.A. & Henshaw, G.G. (1982). Somatic embryogenesis in cassava. *Zeitschrift für Pflanzenphysiologie*, 105: 97-102.
- Steward, F.C.; Mapes, M.O. & K. Mears. (1958). Growth and organized development of cultures cells. Organization in cultures growth from freely suspended cells. *American Journal of Botany*, 45: 705-708.
- Tisserat, B.; Esan, E. & Murashige, T. (1979). Somatic embryogenesis in angiosperms. *Hort. Rev.*, 1: 1-78.
- Villalobos, V.M. & Thorpe, T. A. (1991). Micropropagación: conceptos, metodología y resultados. En: Roca, W.M.; Mroginski, L.A. (Ed.). *Cultivo de tejidos en la agricultura*. CIAT. p. 128-141.

Anexos

Anexo 1. Caracterización de la muestra por ciclos, clones y métodos de propagación

Ciclos	Clones	Métodos de Propagación	N	% del total de N
Ciclo 1	CMC-76	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
Ciclo 2	CMC-76	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
Ciclo 3	CMC-76	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
Ciclo 4	CMC-76	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
Ciclo 5	CMC-76	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	3,3%
		Organogénesis	5	3,3%
		Embriogénesis Somática	5	3,3%
Total	CMC-76	Tradicional	25	16,7%
		Organogénesis	25	16,7%
		Embriogénesis Somática	25	16,7%
	CEMSA 74-725	Tradicional	25	16,7%
		Organogénesis	25	16,7%
		Embriogénesis Somática	25	16,7%
	Total	Tradicional	50	33,3%
		Organogénesis	50	33,3%
		Embriogénesis Somática	50	33,3%
Total		150	100,0%	

Anexo 2. Estadísticas descriptivas de la variable: Altura de la planta (cm) por los tres factores

Ciclo	Clon	Métodos de Propagación	N	Media	Desv. típ.	Mediana
Ciclo 1	CMC-76	Tradicional	5	233,6	9,2	230,0
		Organogénesis	5	217,0	2,0	217,0
		Embriogénesis Somática	5	223,4	2,4	224,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	216,4	4,9	217,0
		Organogénesis	5	214,0	1,4	214,0
		Embriogénesis Somática	5	224,9	1,1	224,8
Ciclo 2	CMC-76	Tradicional	5	236,0	6,5	235,0
		Organogénesis	5	266,2	3,6	267,0
		Embriogénesis Somática	5	277,2	7,4	279,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	208,0	11,5	210,0
		Organogénesis	5	223,2	5,8	225,0
		Embriogénesis Somática	5	229,6	4,6	230,0
Ciclo 3	CMC-76	Tradicional	5	237,4	7,8	240,0
		Organogénesis	5	264,4	4,6	264,0
		Embriogénesis Somática	5	274,6	3,9	273,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	210,0	5,0	210,0
		Organogénesis	5	223,4	6,3	222,0
		Embriogénesis Somática	5	225,6	2,9	224,0
Ciclo 4	CMC-76	Tradicional	5	217,6	5,6	218,0
		Organogénesis	5	232,4	8,4	235,0
		Embriogénesis Somática	5	238,0	6,7	235,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	199,0	8,9	200,0
		Organogénesis	5	209,0	4,2	210,0
		Embriogénesis Somática	5	214,0	4,2	215,0
Ciclo 5	CMC-76	Tradicional	5	210,0	7,9	210,0
		Organogénesis	5	218,0	9,1	215,0
		Embriogénesis Somática	5	225,0	7,9	225,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	196,0	6,5	195,0
		Organogénesis	5	205,0	6,1	205,0
		Embriogénesis Somática	5	211,0	6,5	210,0

Anexo 3. Análisis de varianza paramétrico de la variable: Altura de la planta (cm)

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	7722769,178(a)	22	351034,963	7280,544	,000
Ciclo	20419,018	4	5104,754	105,874	,000
Clon	21802,070	1	21802,070	452,180	,000
MetPro	8157,076	2	4078,538	84,590	,000
Ciclo*Clon	6726,815	4	1681,704	34,879	,000
Ciclo*MetPro	4244,431	8	530,554	11,004	,000
Clon*MetPro	200,567	2	100,283	2,080	,129
Error	6171,582	128	48,215		
Total	7728940,760	150			

a R cuadrado = ,999 (R cuadrado corregida = ,999)

Resultados del contraste (matriz K)

Contraste simple Método de Propagación(a)	Variable dependiente Altura de la planta (cm)
Estimación del contraste	-17,930
Valor hipotetizado	0
Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-17,930
Error típ.	1,389
Significación	,000
Límite inferior	-20,678
Límite superior	-15,182
Estimación del contraste	-7,068
Valor hipotetizado	0
Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-7,068
Error típ.	1,389
Significación	,000
Límite inferior	-9,816
Límite superior	-4,320

a Categoría de referencia = 3

Resultados generales del contraste

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

Fuente	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Significación
Contraste	8157,076	2	4078,538	84,590	,000
Error	6171,582	128	48,215		

Anexo 4. Pruebas post hoc en el análisis de varianza paramétrico de la variable: Altura total de la planta (cm)

Comparaciones múltiples por ciclos

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

	(I) Ciclo	(J) Ciclo	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
Comparaciones múltiples con C de Dunnett	Ciclo 1	Ciclo 2	-18,48*	4,854	-32,59	-4,37
		Ciclo 3	-17,68*	4,596	-31,04	-4,32
		Ciclo 4	3,22	3,067	-5,70	12,14
		Ciclo 5	10,72*	2,551	3,30	18,14
	Ciclo 2	Ciclo 3	,80	6,367	-17,71	19,31
		Ciclo 4	21,70*	5,368	6,10	37,30
		Ciclo 5	29,20*	5,091	14,40	44,00
	Ciclo 3	Ciclo 4	20,90*	5,136	5,97	35,83
		Ciclo 5	28,40*	4,845	14,32	42,48
	Ciclo 4	Ciclo 5	7,50	3,429	-2,47	17,47

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rangos para los ciclos

	Ciclo	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Ciclo 5	30	210,83		
	Ciclo 4	30		218,33	
	Ciclo 1	30		221,55	
	Ciclo 3	30			239,23
	Ciclo 2	30			240,03
	Significación		1,000	,075	,656

Comparaciones múltiples para los métodos de propagación

Variable dependiente: Altura de la planta (cm)

	(I) Método de Propagación	(J) Método de Propagación	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Tradicional	Organogénesis	-10,86*	3,744	-19,91	-1,81
		Embriogénesis Somática	-17,93*	3,914	-27,39	-8,47
	Organogénesis	Embriogénesis Somática	-7,07	4,392	-17,68	3,55

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rango para los métodos de propagación

	Método de Propagación	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Tradicional	50	216,40		
	Organogénesis	50		227,26	
	Embriogénesis Somática	50			234,33
	Significación		1,000	1,000	1,000

Anexo 5. Estadísticas descriptivas de la variable: Altura de la primera ramificación (cm) por los tres factores

Ciclo	Clon	Método de Propagación	N	Media	Desv. típ.	Mediana
Ciclo 1	CMC-76	Tradicional	5	73,4	11,0	79,0
		Organogénesis	5	121,2	13,3	117,0
		Embriogénesis Somática	5	127,6	5,7	126,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	146,2	4,5	148,0
		Organogénesis	5	201,7	2,9	202,5
		Embriogénesis Somática	5	215,4	1,5	215,3
Ciclo 2	CMC-76	Tradicional	5	65,8	11,3	61,0
		Organogénesis	5	96,4	2,4	97,0
		Embriogénesis Somática	5	107,0	2,7	107,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	134,6	6,5	135,0
		Organogénesis	5	188,6	10,8	192,0
		Embriogénesis Somática	5	193,2	8,9	195,0
Ciclo 3	CMC-76	Tradicional	5	66,8	11,4	61,0
		Organogénesis	5	94,0	3,9	92,0
		Embriogénesis Somática	5	106,0	2,9	106,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	139,0	6,5	140,0
		Organogénesis	5	189,0	9,2	190,0
		Embriogénesis Somática	5	192,6	6,3	193,0
Ciclo 4	CMC-76	Tradicional	5	60,8	4,7	60,0
		Organogénesis	5	72,6	6,8	73,0
		Embriogénesis Somática	5	78,4	4,9	77,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	132,0	5,7	130,0
		Organogénesis	5	140,0	7,9	140,0
		Embriogénesis Somática	5	150,0	7,9	150,0
Ciclo 5	CMC-76	Tradicional	5	67,6	5,6	68,0
		Organogénesis	5	77,8	6,0	78,0
		Embriogénesis Somática	5	86,6	5,0	88,0
	CEMSA 74-725	Tradicional	5	122,0	5,7	120,0
		Organogénesis	5	127,2	6,3	125,0
		Embriogénesis Somática	5	131,2	8,0	132,0

Anexo 6. Análisis de varianza paramétrico de la variable: Altura de la Primera ramificación (cm)

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Altura de la primera ramificación en cm

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	2591824,090(a)	22	117810,186	2035,166	,000
Ciclo	44214,946	4	11053,736	190,953	,000
Clon	201930,753	1	201930,753	3488,345	,000
MetPro	40126,202	2	20063,101	346,589	,000
Ciclo*Clon	6292,359	4	1573,090	27,175	,000
Ciclo*MetPro	11185,755	8	1398,219	24,154	,000
Clon*MetPro	582,362	2	291,181	5,030	,008
Error	7409,570	128	57,887		
Total	2599233,660	150			

a R cuadrado = ,997 (R cuadrado corregida = ,997)

Resultados del contraste (matriz K)

Contraste simple Método de Propagación(a)	Variable dependiente
	Primera Ramificación, Altura en cm
Estimación del contraste	-37,980
Valor hipotetizado	0
Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-37,980
Error típ.	1,522
Significación	,000
Límite inferior	-40,991
Límite superior	-34,969
Estimación del contraste	-7,948
Valor hipotetizado	0
Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-7,948
Error típ.	1,522
Significación	,000
Límite inferior	-10,959
Límite superior	-4,937

a Categoría de referencia = 3

Resultados generales del contraste

Variable dependiente: Altura de la primera ramificación en cm

Fuente	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Significación
Contraste	40126,202	2	20063,101	346,589	,000
Error	7409,570	128	57,887		

Anexo 7. Pruebas post hoc en el análisis de varianza paramétrico de la variable: Altura de la primera ramificación de la planta (cm)

Comparaciones múltiples por ciclos

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm

Variable dependiente: Primera Ruminación, Actura en cm						
			Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%	
					Límite inferior	Límite superior
(I) Ciclo	(J) Ciclo					
C de Dunnett	Ciclo 1	Ciclo 2	16,65	12,674	-20,19	53,49
		Ciclo 3	16,35	12,688	-20,53	53,24
		Ciclo 4	41,95*	11,322	9,04	74,87
		Ciclo 5	45,52*	10,310	15,55	75,49
	Ciclo 2	Ciclo 3	-,30	12,485	-36,59	35,99
		Ciclo 4	25,30	11,094	-6,95	57,55
		Ciclo 5	28,87	10,059	-,37	58,11
	Ciclo 3	Ciclo 4	25,60	11,111	-6,70	57,90
		Ciclo 5	29,17	10,077	-,13	58,46
	Ciclo 4	Ciclo 5	3,57	8,292	-20,54	27,67

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rangos para los ciclos

Primera Ramificación, Altura en cm

	Ciclo	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Ciclo 5	30	102,07		
	Ciclo 4	30	105,63		
	Ciclo 2	30		130,93	
	Ciclo 3	30		131,23	
	Ciclo 1	30			147,59
	Significación		,072	,879	1,000

Comparaciones múltiples para los métodos de propagación

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm

Variable dependiente: Primera Ramificación, Altura en cm						
	(I) Método de Propagación	(J) Método de Propagación	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Tradicional	Organogénesis	-30,03*	8,275	-50,03	-10,03
		Embriogénesis	-37,98*	8,227	-57,87	-18,09
	Organogénesis	Embriogénesis	-7,95	9,250	-30,30	14,41

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rango para los métodos de propagación

Método de Propagación	N	Subconjunto		
		1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Tradicional	50	100,82	
	Organogénesis	50		130,85
	Embriogénesis Somática	50		
	Significación		1,000	1,000

Anexo 8. Estadísticas descriptivas de la variable: Número de estacas por planta por los tres factores

	Ciclo	Clon	Método de Propagación	N	Media	Desv. tip.	Mediana
Nro. de Estacas/ Planta	Ciclo 1	CMC-76	Tradicional	5	14,6	,1	14,6
			Organogénesis	5	15,2	,4	15,3
			Embriogénesis Somática	5	15,6	,2	15,6
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	6,6	,4	6,4
			Organogénesis	5	7,8	,2	7,8
			Embriogénesis Somática	5	8,2	,1	8,2
	Ciclo 2	CMC-76	Tradicional	5	14,4	,7	14,3
			Organogénesis	5	17,6	,7	17,6
			Embriogénesis Somática	5	18,4	,7	18,3
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	6,9	,7	6,9
			Organogénesis	5	7,9	,3	7,9
			Embriogénesis Somática	5	8,3	,5	8,4
	Ciclo 3	CMC-76	Tradicional	5	14,6	,3	14,7
			Organogénesis	5	17,4	,6	17,4
			Embriogénesis Somática	5	18,5	,4	18,4
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	6,8	,3	6,9
			Organogénesis	5	7,8	,2	7,8
			Embriogénesis Somática	5	8,4	,4	8,4
	Ciclo 4	CMC-76	Tradicional	5	14,2	,6	14,3
			Organogénesis	5	15,8	,9	15,5
			Embriogénesis Somática	5	16,7	,7	17,2
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	5,9	,5	6,0
			Organogénesis	5	6,8	,4	7,0
			Embriogénesis Somática	5	7,5	,6	7,5
	Ciclo 5	CMC-76	Tradicional	5	14,3	,5	14,2
			Organogénesis	5	16,2	,7	16,3
			Embriogénesis Somática	5	16,6	,8	16,5
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	4,9	,3	5,0
			Organogénesis	5	5,3	,2	5,3
			Embriogénesis Somática	5	5,6	,4	5,5

Anexo 9. Análisis de varianza paramétrico del Número de estacas por planta

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	23102,620 ^a	22	1050,119	3324,499	,000
Ciclo	68,761	4	17,190	54,421	,000
Clon	3058,687	1	3058,687	9683,283	,000
MetPro	110,987	2	55,494	175,683	,000
Ciclo * Clon	30,265	4	7,566	23,954	,000
Ciclo * MetPro	10,000	8	1,250	3,957	,000
Clon * MetPro	12,862	2	6,431	20,360	,000
Error	40,432	128	,316		
Total	23143,052	150			

a. R cuadrado = ,998 (R cuadrado corregida = ,998)

Resultados del contraste (matriz K)

		Variable dependiente
		Nro. de Estacas/Planta
Contraste simple Método de Propagación ^a		
Nivel 1 - Nivel 3	Estimación del contraste	-2,053
	Valor hipotetizado	0
	Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-2,053
	Error típ.	,112
	Significación	,000
	Intervalo de confianza al 95 % para la diferencia	-2,275
	Límite inferior	-1,831
	Límite superior	
Nivel 2 - Nivel 3	Estimación del contraste	-,616
	Valor hipotetizado	0
	Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-,616
	Error típ.	,112
	Significación	,000
	Intervalo de confianza al 95 % para la diferencia	-,838
	Límite inferior	-,394
	Límite superior	

a. Categoría de referencia = 3

Resultados generales del contraste

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Fuente	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Significación
Contraste	110,987	2	55,494	175,683	,000
Error	40,432	128	,316		

Anexo 10. Pruebas post hoc en el análisis de varianza paramétrico del Número de estacas por planta

Comparaciones múltiples por ciclos

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta					Intervalo de confianza al 95%.	
			Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Límite inferior	Límite superior
(I) Ciclo	(J) Ciclo					
C de Dunnett	Ciclo 1	Ciclo 2	-,898	1,1388	-4,209	2,412
		Ciclo 3	-,938	1,1373	-4,244	2,368
		Ciclo 4	,175	1,1048	-3,037	3,387
		Ciclo 5	,842	1,2131	-2,685	4,368
	Ciclo 2	Ciclo 3	-,040	1,2527	-3,681	3,601
		Ciclo 4	1,073	1,2233	-2,483	4,629
		Ciclo 5	1,740	1,3219	-2,102	5,582
	Ciclo 3	Ciclo 4	1,113	1,2219	-2,438	4,665
		Ciclo 5	1,780	1,3205	-2,059	5,619
	Ciclo 4	Ciclo 5	,667	1,2927	-3,091	4,424

Pruebas de rangos para los ciclos

Nro. de Estacas/Planta

	Ciclo	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Ciclo 5	30	10,487		
	Ciclo 4	30		11,153	
	Ciclo 1	30		11,328	
	Ciclo 2	30			12,227
	Ciclo 3	30			12,267
	Significación		1,000	,230	,783

Comparaciones múltiples para los métodos de propagación

Variable dependiente: Nro. de Estacas/Planta

Variable dependiente: NRO. de Estacas/Planta						
	(I) Método de Propagación	(J) Método de Propagación	Diferencia entre medias (I-J)	Error tít.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Tradicional	Organogénesis	-1,437	,9058	-3,626	,752
		Embriogénesis Somática	-2,053	,9206	-4,278	,172
	Organogénesis	Embriogénesis Somática	-,616	,9805	-2,986	1,754

Pruebas de rango para los métodos de propagación

Nro. de Estacas/Planta

	Método de Propagación	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Tradicional	50	10,329		
	Organogénesis	50		11,766	
	Embriogénesis Somática	50			12,382
	Significación		1,000	1,000	1,000

Anexo 11. Estadísticas descriptivas de la variable: Número de raíces por planta por los tres factores

	Ciclo	Clon	Método de Propagación	N	Media	Desv. tip.	Mediana
Nro. de Raíces/ Planta	Ciclo 1	CMC-76	Tradicional	5	6,9	,5	6,9
			Organogénesis	5	6,4	,2	6,4
			Embriogénesis Somática	5	6,9	,4	6,8
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	7,6	,2	7,6
			Organogénesis	5	4,7	,2	4,7
			Embriogénesis Somática	5	5,2	,1	5,2
	Ciclo 2	CMC-76	Tradicional	5	7,1	,5	7,1
			Organogénesis	5	9,9	,3	9,9
			Embriogénesis Somática	5	10,1	,3	10,1
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	7,1	,3	7,1
			Organogénesis	5	9,5	,5	9,4
			Embriogénesis Somática	5	10,2	,3	10,2
	Ciclo 3	CMC-76	Tradicional	5	7,0	,4	6,9
			Organogénesis	5	9,6	,6	9,8
			Embriogénesis Somática	5	10,6	,5	10,7
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	6,9	,3	7,0
			Organogénesis	5	9,1	,7	8,8
			Embriogénesis Somática	5	10,3	,2	10,3
	Ciclo 4	CMC-76	Tradicional	5	6,5	,4	6,5
			Organogénesis	5	8,5	,7	8,5
			Embriogénesis Somática	5	9,2	,4	9,2
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	6,9	,3	6,9
			Organogénesis	5	8,3	,7	8,5
			Embriogénesis Somática	5	8,9	,5	8,9
	Ciclo 5	CMC-76	Tradicional	5	6,9	,3	6,8
			Organogénesis	5	8,1	,3	7,9
			Embriogénesis Somática	5	8,4	,5	8,2
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	6,6	,4	6,5
			Organogénesis	5	7,1	,3	7,0
			Embriogénesis Somática	5	7,7	,3	7,9

Anexo 12. Análisis de varianza paramétrico del Número de raíces por planta

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	9784,586(a)	22	444,754	2141,479	,000
Ciclo	152,978	4	38,244	184,146	,000
Clon	6,040	1	6,040	29,083	,000
MetPro	82,660	2	41,330	199,003	,000
Ciclo*Clon	3,794	4	,949	4,567	,002
Ciclo*MetPro	87,558	8	10,945	52,699	,000
Clon*MetPro	6,129	2	3,064	14,755	,000
Error	26,584	128	,208		
Total	9811,170	150			

a. R cuadrado = ,997 (R cuadrado corregida = ,997)

Resultados del contraste (matriz K)

Contraste simple Método de Propagación ^a			Variable dependiente Nro. de Raíces/Planta
Nivel 1 - Nivel 3	Estimación del contraste		-1,790
	Valor hipotetizado		0
	Diferencia (Estimado - Hipotetizado)		-1,790
	Error típ.		,091
	Significación		,000
	Intervalo de confianza al 95 % para la diferencia	Límite inferior	-1,970
		Límite superior	-1,610
Nivel 2 - Nivel 3	Estimación del contraste		-,618
	Valor hipotetizado		0
	Diferencia (Estimado - Hipotetizado)		-,618
	Error típ.		,091
	Significación		,000
	Intervalo de confianza al 95 % para la diferencia	Límite inferior	-,798
		Límite superior	-,438

a. Categoría de referencia = 3

Resultados generales del contraste

Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

Fuente	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Significación
Contraste	82,660	2	41,330	199,003	,000
Error	26,584	128	,208		

Anexo 13. Pruebas post hoc en el análisis de varianza paramétrico del Número de raíces por planta

Comparaciones múltiples por ciclos

Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

	(I) Ciclo	(J) Ciclo	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Ciclo 1	Ciclo 2	-2,713*	,3225	-3,651	-1,776
		Ciclo 3	-2,650*	,3431	-3,647	-1,653
		Ciclo 4	-1,763*	,2854	-2,593	-,934
		Ciclo 5	-1,167*	,2376	-1,857	-,476
	Ciclo 2	Ciclo 3	,063	,3808	-1,044	1,170
		Ciclo 4	,950	,3297	-,009	1,909
		Ciclo 5	1,547*	,2894	,705	2,388
	Ciclo 3	Ciclo 4	,887	,3500	-,131	1,904
		Ciclo 5	1,483*	,3122	,576	2,391
	Ciclo 4	Ciclo 5	,597	,2474	-,122	1,316

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rangos para los ciclos

Nro. de Raíces/Planta

	Ciclo	N	Subconjunto			
			1	2	3	4
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Ciclo 1	30	6,277			
	Ciclo 5	30		7,443		
	Ciclo 4	30			8,040	
	Ciclo 3	30				8,927
	Ciclo 2	30				8,990
	Significación		1,000	1,000	1,000	,591

Comparaciones múltiples para los métodos de propagación

Variable dependiente: Nro. de Raíces/Planta

	(I) Método de Propagación	(J) Método de Propagación	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Tradicional	Organogénesis	-1,172*	,2409	-1,754	-,590
		Embriogénesis Somática	-1,790*	,2484	-2,390	-1,190
	Organogénesis	Embriogénesis Somática	-,618	,3337	-1,425	,189

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rango para los métodos de propagación

Nro. de Raíces/Planta

	Método de Propagación	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Tradicional	50	6,948		
	Organogénesis	50		8,120	
	Embriogénesis Somática	50			8,738
	Significación		1,000	1,000	1,000

Anexo 14. Estadísticas descriptivas del Rendimiento en kg por planta por los tres factores

	Ciclo	Clon	Método de Propagación	N	Media	Desv. típ.	Mediana
Rendimiento (kg/Planta)	Ciclo 1	CMC-76	Tradicional	5	1,84	,09	1,9
			Organogénesis	5	1,84	,09	1,9
			Embriogénesis Somática	5	2,36	,11	2,4
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	2,80	,10	2,8
			Organogénesis	5	1,92	,13	1,9
			Embriogénesis Somática	5	2,12	,08	2,1
	Ciclo 2	CMC-76	Tradicional	5	1,78	,24	1,8
			Organogénesis	5	2,38	,13	2,4
			Embriogénesis Somática	5	2,52	,20	2,5
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	2,46	,23	2,5
			Organogénesis	5	3,62	,08	3,6
			Embriogénesis Somática	5	3,82	,08	3,8
	Ciclo 3	CMC-76	Tradicional	5	1,82	,13	1,8
			Organogénesis	5	2,28	,18	2,3
			Embriogénesis Somática	5	2,68	,33	2,6
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	2,60	,16	2,6
			Organogénesis	5	3,74	,15	3,8
			Embriogénesis Somática	5	3,80	,10	3,8
	Ciclo 4	CMC-76	Tradicional	5	1,76	,21	1,8
			Organogénesis	5	2,10	,23	2,0
			Embriogénesis Somática	5	2,68	,23	2,7
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	2,18	,16	2,1
			Organogénesis	5	2,58	,08	2,6
			Embriogénesis Somática	5	2,94	,11	2,9
	Ciclo 5	CMC-76	Tradicional	5	1,72	,19	1,7
			Organogénesis	5	1,94	,21	1,9
			Embriogénesis Somática	5	2,28	,19	2,3
		CEMSA 74-725	Tradicional	5	2,00	,16	2,0
			Organogénesis	5	2,26	,21	2,3
			Embriogénesis Somática	5	2,54	,11	2,5

Anexo 15. Análisis de varianza paramétrico del Rendimiento en kg por planta

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: Rendimiento (kg/Planta)

Fuente	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
Modelo	949,011 ^a	22	43,137	864,232	,000
Ciclo	13,187	4	3,297	66,050	,000
Clon	14,727	1	14,727	295,044	,000
MetPro	11,524	2	5,762	115,441	,000
Ciclo * Clon	5,593	4	1,398	28,012	,000
Ciclo * MetPro	6,839	8	,855	17,126	,000
Clon * MetPro	,194	2	,097	1,941	,148
Error	6,389	128	,050		
Total	955,400	150			

a. R cuadrado = ,993 (R cuadrado corregida = ,992)

Resultados del contraste (matriz K)

		Variable dependiente
Contraste simple Método de Propagación ^a		Rendimiento (kg/Planta)
Nivel 1 - Nivel 3	Estimación del contraste	-,678
	Valor hipotetizado	0
	Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-,678
	Error típ.	,045
	Significación	,000
	Intervalo de confianza al 95 % para la diferencia	
	Límite inferior	-,766
	Límite superior	-,590
Nivel 2 - Nivel 3	Estimación del contraste	-,308
	Valor hipotetizado	0
	Diferencia (Estimado - Hipotetizado)	-,308
	Error típ.	,045
	Significación	,000
	Intervalo de confianza al 95 % para la diferencia	
	Límite inferior	-,396
	Límite superior	-,220

a. Categoría de referencia = 3

Resultados generales del contraste

Variable dependiente: Rendimiento (kg/Planta)

Fuente	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Significación
Contraste	11,524	2	5,762	115,441	,000
Error	6,389	128	,050		

Anexo 16. Pruebas post hoc en el análisis de varianza paramétrico del Rendimiento en kg por planta

Comparaciones múltiples por ciclos

Variable dependiente: Rendimiento (kg/Planta)

	(I) Ciclo	(J) Ciclo	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Ciclo 1	Ciclo 2	-,617*	,1521	-1,059	-,175
		Ciclo 3	-,673*	,1535	-1,120	-,227
		Ciclo 4	-,227	,1036	-,528	,074
		Ciclo 5	,023	,0881	-,233	,279
	Ciclo 2	Ciclo 3	-,057	,1948	-,623	,509
		Ciclo 4	,390	,1584	-,070	,850
		Ciclo 5	,640*	,1487	,208	1,072
	Ciclo 3	Ciclo 4	,447	,1598	-,018	,911
		Ciclo 5	,697*	,1502	,260	1,133
	Ciclo 4	Ciclo 5	,250	,0986	-,037	,537

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rangos para los ciclos

Rendimiento (kg/Planta)

	Ciclo	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Ciclo 5	30	2,123		
	Ciclo 1	30	2,147		
	Ciclo 4	30		2,373	
	Ciclo 2	30			2,763
	Ciclo 3	30			2,820
	Significación		,687	1,000	,328

Comparaciones múltiples para los métodos de propagación

Variable dependiente: Rendimiento (kg/Planta)

	(I) Método de Propagación	(J) Método de Propagación	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Intervalo de confianza al 95%.	
					Límite inferior	Límite superior
C de Dunnett	Tradicional	Organogénesis	-,370*	,1106	-,637	-,103
		Embriogénesis Somática	-,678*	,1013	-,923	-,433
	Organogénesis	Embriogénesis Somática	-,308*	,1258	-,612	-,004

*. La diferencia de medias es significativa al nivel ,05.

Pruebas de rango para los métodos de propagación

Rendimiento (kg/Planta)

	Método de Propagación	N	Subconjunto		
			1	2	3
Student-Newman-Keuls y Tukey B (idénticos)	Tradicional	50	2,096		
	Organogénesis	50		2,466	
	Embriogénesis Somática	50			2,774
	Significación		1,000	1,000	1,000

Anexo 17. Comandos del paquete *Mathematica* para determinar el punto de corte mediante regresiones cuadráticas entre los métodos de propagación para la variable: Altura de la planta

- Punto de corte con regresiones cuadráticas: Organogénesis - Tradicional

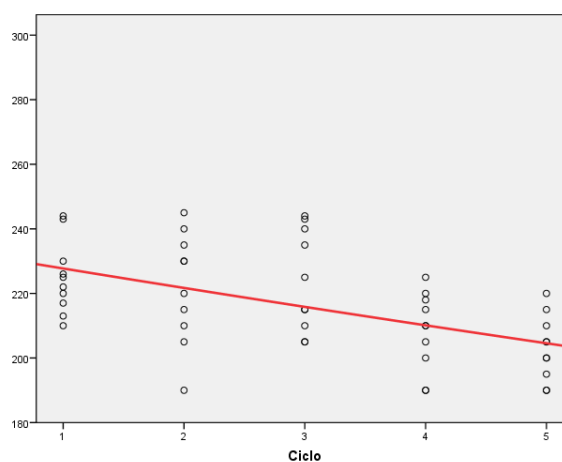
```
DifCuadOrganoTradic[Ciclo_]=(187.278+39.304*Ciclo-7.084*Ciclo^2)-(222.860+3.530*Ciclo-1.550*Ciclo^2);  
Solve[DifCuadOrganoTradic[Ciclo]==0,Ciclo]  
{{Ciclo==1.22785},{Ciclo==5.23655}}
```

- Punto de corte con regresiones cuadráticas: Embriogénesis somática - Tradicional

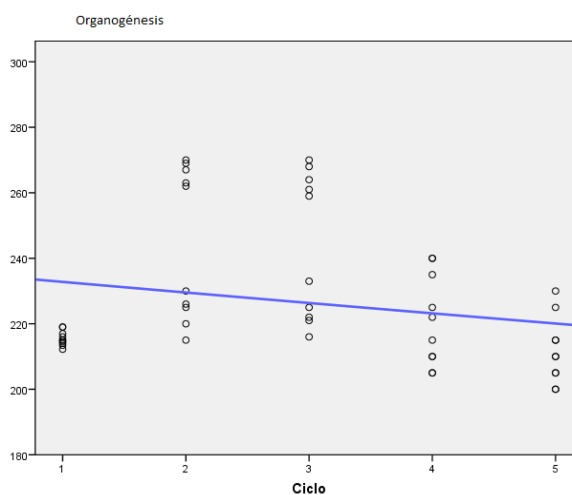
```
DifCuadEmbrioTradic[Ciclo_]=(198.590+36.873*Ciclo-6.807*Ciclo^2)-(222.860+3.530*Ciclo-1.550*Ciclo^2) ;  
Solve[DifCuadEmbrioTradic[Ciclo]==0,Ciclo]  
{{Ciclo==0.838826},{Ciclo==5.50376}}
```

Anexo 18. Representación gráfica de las regresiones exponenciales de la Altura de la planta respecto a los ciclos para cada uno de los métodos de propagación

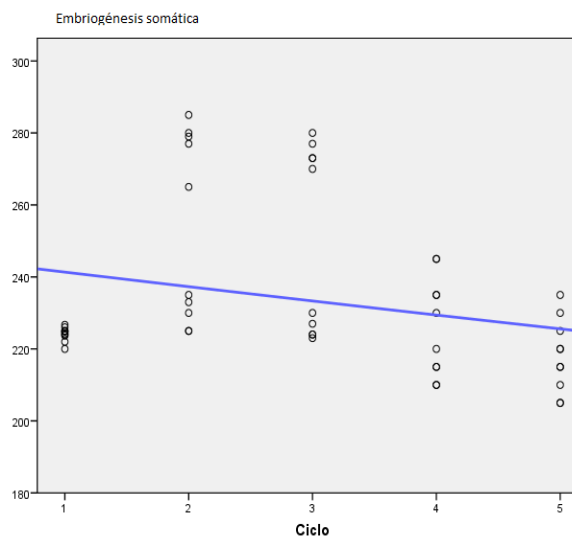
- Método: tradicional



- Método: organogénesis



- Método: embriogénesis somática



Anexo 19. Regresiones gaussianas de la Altura de la planta respecto a los ciclos para los nuevos métodos de propagación

Variable dependiente: Altura de la planta (cm) según método de propagación: organogénesis

Modelo: $\text{Altura_organogénesis} = b_0 \cdot \text{Exp}(-((b_1 - \text{Ciclo})^2 / (2 \cdot b_2^2)))$

		Estimate	Standard Error	t-Statistic	P-Value
Tabla de parámetros=	b0	242.278	3.82272	63.3785	3.5506×10^{-47}
	b1	2.75679	0.131748	20.9248	1.85097×10^{-25}
	b2	3.95966	0.403382	9.81616	5.80867×10^{-13}

Resultado: $\text{Altura_organogénesis} = 242,278 \cdot \text{Exp}(-0,0318899(2,75679 - \text{Ciclo})^2)$

		DF	SS	MS
Tabla ANOVA=	Model	3	2.59054×10^6	863514.
	Error	47	13849.8	294.676
	Uncorrected Total	50	2.60439×10^6	
	Corrected Total	49	22035.6	

RcuadradoAjustado=0,994343

Variable dependiente: Altura de la planta (cm) según método de propagación: embriogénesis somática

Modelo: $\text{Altura_embriogénesis} = c_0 \cdot \text{Exp}(-((c_1 - \text{Ciclo})^2 / (2 \cdot c_2^2)))$

		Estimate	Standard Error	t-Statistic	P-Value
Tabla de parámetros=	c0	249.047	4.20531	59.222	8.28097×10^{-46}
	c1	2.68965	0.156706	17.1636	7.0996×10^{-22}
	c2	4.09636	0.479213	8.5481	3.92182×10^{-11}

Resultado: $\text{Altura_embriogénesis} = 249,047 \cdot \text{Exp}(-0,029797(2,68965 - \text{Ciclo})^2)$

		DF	SS	MS
Tabla ANOVA=	Model	3	2.75398×10^6	917993.
	Error	47	16995.1	361.599
	Uncorrected Total	50	2.77097×10^6	
	Corrected Total	49	25211.2	

RcuadradoAjustado=0,993475

Anexo 20. Comandos del paquete *Mathematica* para la determinación del punto de corte de igualdad de la Altura de la planta utilizando regresión gaussiana para los nuevos métodos de propagación y regresión exponencial para el método tradicional

```
DifExpGauTraOrg [Ciclo_] =
(233.913 * Exp [-0.027 * Ciclo ]) -
(242.278 * Exp [-0.0318899 * (2.75679 - Ciclo ) ^ 2])

-242.278 e-0.0318899 (2.75679-Ciclo)2 + 233.913 e-0.027 Ciclo
Solve [DifExpGauTraOrg [Ciclo ] = 0, Ciclo ]
{{Ciclo → 1.27878}, {Ciclo → 5.08146}}
```

```
DifExpGauTraEmb [Ciclo_] =
(233.913 * Exp [-0.027 * Ciclo ]) -
(249.047 * Exp [-0.0297997 * (2.68965 - Ciclo ) ^ 2])

-249.047 e-0.0297997 (2.68965-Ciclo)2 + 233.913 e-0.027 Ciclo
Solve [DifExpGauTraEmb [Ciclo ] = 0, Ciclo ]
{{Ciclo → 0.964148}, {Ciclo → 5.3212}}
```

Anexo 21. Comandos y resultados del paquete *Mathematica* para regresión cúbica de la Altura de la primera ramificación, según el método tradicional

TraPriRamRNL=NonlinearModelFit[TraPriRamData,a0+a1*x+a2*x^2+a3*x^3,{a0,a1,a2,a3},x]/Normal

124.72 -20.8476 x+6.03571 x²-0.616667 x³

	Estimate	Standard Error	t-Statistic	P-Value
a0	124.72	56.5465	2.20562	0.0324465
a1	-20.8476	73.9149	-0.282049	0.779171
a2	6.03571	27.4347	0.220003	0.826842
a3	-0.616667	3.02912	-0.203579	0.83958

	DF	SS	MS
Model	4	509464.	127366.
Error	46	60779.2	1321.29
Uncorrected Total	50	570243.	
Corrected Total	49	62009.4	

TraPriRamRNL ["AdjustedRSquared "]

0.884147

Anexo 22. Comandos y resultados del paquete *Mathematica* para la estimación del punto de corte de la variable: Altura de la primera ramificación

- Punto de corte con regresión cuadrática para organogénesis y regresión cúbica para método tradicional.

```
DifCubCuaTraOrg [Ciclo_] =
  (124.720 - 20.848 *Ciclo + 6.036 *Ciclo^2 - 0.617 *Ciclo^3) -
  (175.148 - 13.749 *Ciclo - 0.277 *Ciclo^2);
Solve [DifCubCuaTraOrg [Ciclo] == 0, Ciclo]
{{Ciclo -> -2.146},{Ciclo -> 5.710},{Ciclo -> 6.668}}
```

- Punto de corte con regresión cuadrática para embriogénesis y regresión cúbica para método tradicional.

```
DifCubCuaTraOrg [Ciclo_] =
  (124.720 - 20.848 *Ciclo + 6.036 *Ciclo^2 - 0.617 *Ciclo^3) -
  (175.148 - 13.749 *Ciclo - 0.277 *Ciclo^2);
Solve [DifCubCuaTraEmb [Ciclo] == 0, Ciclo]
{{Ciclo -> -2.478 }, {Ciclo -> 6.252 - 1.019 i}, {Ciclo -> 6.252 + 1.019 i}}
```

Anexo 23: Comandos para la estimación del punto de corte para el Número de estacas por planta con regresiones cuadráticas para los métodos estudiados

- Punto de corte con regresiones cuadráticas para organogénesis y método tradicional

```
DifCuaTraOrg [Ciclo_] = (10.241 + 0.475 *Ciclo - 0.121 *Ciclo2) -  
  (10.202 + 1.807 *Ciclo - 0.351 *Ciclo2);  
Solve [DifCuaTraOrg [Ciclo] == 0, Ciclo]  
  
{{Ciclo → 0.0294288}, {Ciclo → 5.76188}}  
  
Solve [DifCuaTraOrg [Ciclo] == 0, Ciclo]  
  
{{Ciclo → 0.0294288}, {Ciclo → 5.76188}}
```

- Punto de corte con regresiones cuadráticas para embriogénesis y método tradicional

```
DifCuaTraEmb [Ciclo_] = (10.241 + 0.475 *Ciclo - 0.121 *Ciclo2) -  
  (10.090 + 2.398 *Ciclo - 0.446 *Ciclo2);  
Solve [DifCuaTraEmb [Ciclo] == 0, Ciclo]  
  
{{Ciclo → 0.0795938}, {Ciclo → 5.83733}}
```

Anexo 24. Comandos para la estimación del punto de corte para el Número de raíces por planta con regresión cuadrática para los métodos analizados

- Punto de corte con regresiones cuadráticas para organogénesis y método tradicional

```
DifCuaTraOrg [Ciclo_] = (7.482 - 0.217 *Ciclo + 0.011 *Ciclo2) -  
  (1.994 + 4.816 *Ciclo - 0.756 *Ciclo2);  
Solve [DifCuaTraOrg [Ciclo] == 0, Ciclo]  
{{Ciclo → 1.38108}, {Ciclo → 5.18085}}
```

- Punto de corte con regresiones cuadráticas para embriogénesis y método tradicional

```
DifCuaTraEmb [Ciclo_] = (7.482 - 0.217 *Ciclo + 0.011 *Ciclo2) -  
  (1.920 + 5.387 *Ciclo - 0.849 *Ciclo2);  
Solve [DifCuaTraEmb [Ciclo] == 0, Ciclo]  
{{Ciclo → 1.22147}, {Ciclo → 5.29481}}
```

Anexo 25. Comandos para la estimación del punto de corte para el Rendimiento por planta con regresiones cuadráticas para los métodos de propagación

- Punto de corte con regresiones cuadráticas para organogénesis y método tradicional.

```
DifCuaTraOrg [Ciclo_] = (2.342 - 0.043 *Ciclo - 0.011 *Ciclo2) -  
(0.832 + 1.435 *Ciclo - 0.243 *Ciclo2);
```

- Punto de corte con regresiones cuadráticas para embriogénesis y método tradicional.

```
DifCuaTraEmb [Ciclo_] = (2.342 - 0.043 *Ciclo - 0.011 *Ciclo2) -  
(1.200 + 1.352 *Ciclo - 0.226 *Ciclo2);  
Solve [DifCuaTraEmb [Ciclo] == 0, Ciclo]  
{{Ciclo → 0.960961}, {Ciclo → 5.52741}}  
Solve [DifCuaTraOrg [Ciclo] == 0, Ciclo]  
{{Ciclo → 1.27804}, {Ciclo → 5.09265}}
```