

AVALIAÇÃO DE TESTES ESTATÍSTICOS EM DADOS DE Q-PCR

FÁBIO MENEZES DE CARVALHO^{1 3}; WALDOMIRO BARIONI JUNIOR²; LILIANE CRISTINA NAKATA^{1 4}; LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO².

E-mail: ufscarfabio@yahoo.com.br; luciana@cppse.embrapa.br

1 Mestrando em Genética e Evolução – PPGGEv, Universidade Federal de São Carlos.

2 Embrapa Pecuária Sudeste, Caixa Postal 339, CEP 13560-970, São Carlos -SP.

3 Bolsista CNPq; 4 Bolsista CAPES.

A Q-PCR (*Quantitative Polymerase Chain Reaction*) é uma técnica que permite quantificar de forma precisa, específica e indireta a quantidade de RNA mensageiro presente em uma determinada amostra. A Q-PCR apresenta vantagens metodológicas para a quantificação do RNA mensageiro quando comparada às técnicas de *Northern Blot* e *Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction*, facilitando estudos de expressão gênica diferenciada. No entanto, experimentos de Q-PCR frequentemente apresentam limitações amostrais ($n = N = 12$) e são analisados por testes estatísticos tradicionais (paramétricos) sem a devida verificação da condição de normalidade da variável resposta e de homogeneidade das variâncias dos grupos experimentais, exigidas nesses testes. O presente trabalho avaliou quatro testes estatísticos de comparação de médias e/ou medianas, entre os grupos controle (C) e tratado (T), com objetivo de propor o teste mais adequada para estudar expressão gênica com dados de Q-PCR. O experimento foi realizada na Embrapa Pecuária Sudeste – São Carlos, Brasil, utilizando 10 bezerros Nelore (*Bos indicus*), divididos aleatoriamente em dois grupos de cinco animais: grupo tratado (T) infestado artificialmente com carrapatos *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* e grupo controle (C) livre de infestação. Os dados foram submetidos a quatro diferentes testes estatísticos, sendo o primeiro paramétrico (ANOVA com teste t) e os demais não-paramétricos (teste de mediana, *boot strap*, e Rest[®]). Quando o gene referência (gene de expressão constitutiva) apresentou pequena variação entre os tratamentos ($0,6 = P = 1$) os testes estatísticos, com exceção do teste de mediana, apresentaram valores de probabilidade confiáveis e semelhantes. Porém, quando o gene referência apresentou variação entre os tratamentos ($P = 0,6$) todos os testes apresentaram resultados distintos, e o teste Rest[®], não-paramétrico, de comparações das médias e com ajustes para eficiência de amplificação do *primer* e valores de probabilidade do gene referência, foi o mais adequado para analisar dados de Q-PCR.