



AGORA EM MARINGÁ  
25°  
Ver próximos dias

---

Covid-19
Compre Aqui Maringá
Notícias ▾
Esportes ▾
GMC+
Horóscopo
Colunas
Vagas de emprego ▾
ENVIE SUA NOTÍCIA
🔍

## Maringá

CIÊNCIA

### **Pesquisadores da UEM desenvolvem programa capaz de identificar novos genes**

Por Redação GMC online

10/12/2021 12h29 - Atualizado em 10/12/2021 12:31

▶ Ouvir: 1:55 0:00 audímetro



Artigo foi publicado em revista científica; programa pode ser utilizado, de forma gratuita, por pesquisadores  
Foto: UEM

Pesquisadores da Universidade Estadual de Maringá (UEM) desenvolveram um programa de computador capaz de analisar sequências de genes conhecidos como RNAs não codificantes. O programa foi desenvolvido durante o doutorado de Diego de Souza Lima, sob a orientação do docente Flavio Augusto Vicente Seixas, e é capaz de classificar rapidamente milhares de sequências entre 13 tipos diferentes de RNAs não codificantes, com precisão superior a alguns dos métodos mais avançados.

“Por se tratar de uma nova ferramenta para auxiliar pesquisadores da área da genética, espera-se que possa contribuir no descobrimento de genes até então desconhecidos”, afirma Flavio Seixas.

Ainda segundo o professor, esses genes, antes considerados sem importância, são hoje apontados como essenciais para todos os organismos vivos, além de estarem envolvidos em doenças autoimunes e diversos tipos de câncer. “Porém, mesmo com este progresso, a função destes genes ainda é pouco compreendida, e a sua identificação não é tarefa fácil”, esclarece o orientador.

Nesse sentido, os pesquisadores criaram um programa que se baseia em métodos de inteligência artificial para analisá-los e dizer, com alta precisão, qual é a função destes genes no metabolismo.

Esses métodos estão presentes em diversas tecnologias que usamos cotidianamente, como nos aplicativos de redes sociais e em sistemas de recomendação de produtos,

filmes e conteúdos digitais, também têm causado grande impacto em diversas áreas da ciência.

O artigo que descreve o programa de computador, nomeado como "NCYPred", foi recentemente publicado na revista científica [IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics](#), e pode ser utilizado gratuitamente por pesquisadores do mundo todo por meio deste [site](#).



**Quer receber nossas principais notícias pelo Whatsapp?**

Cadastre-se e fique bem informado!

[CLIQUE AQUI](#)

Seja o primeiro a comentar sobre isso\*

[COMUNICAR ERRO](#)