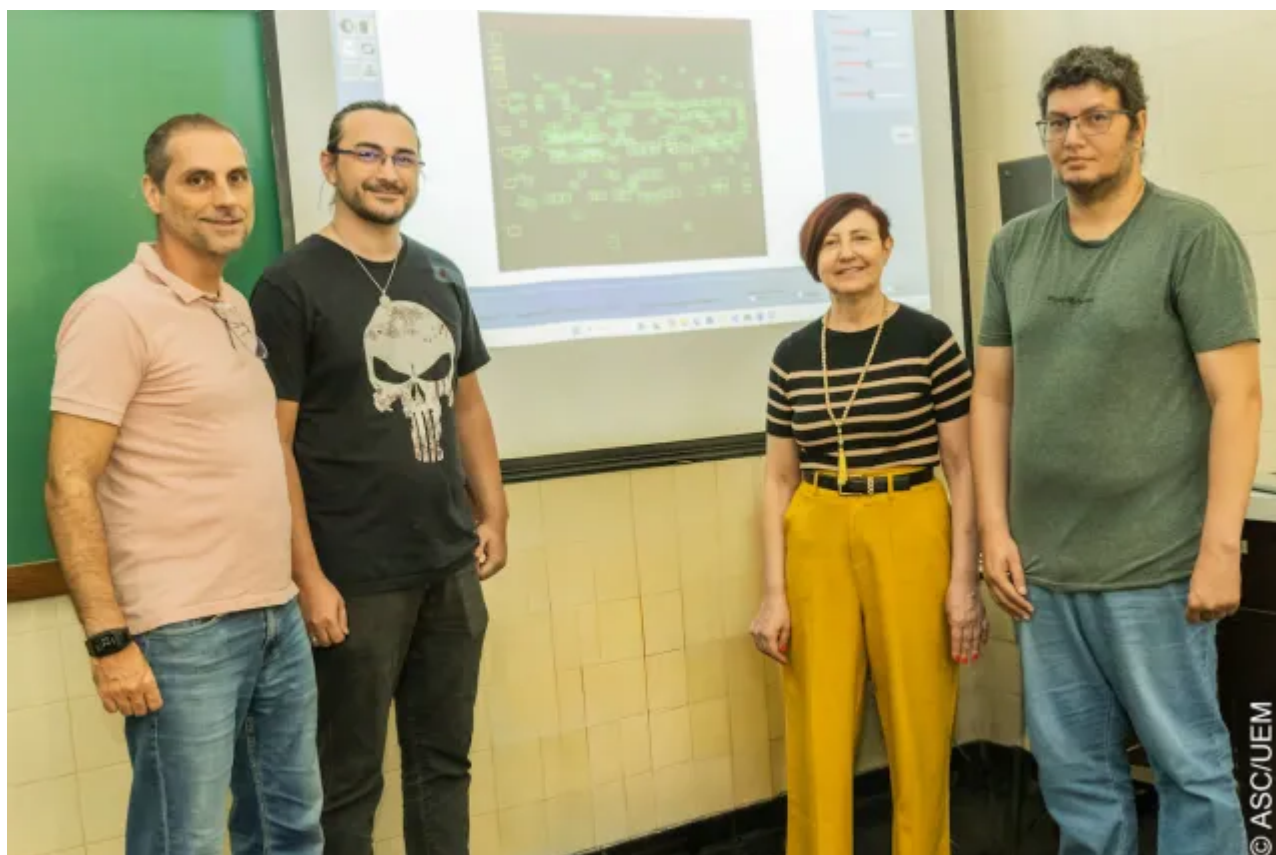


Pesquisadores da UEM criam software que analisa DNA em minutos

10 de dezembro de 2024



Em 2021 foi iniciada uma pesquisa na área de biotecnologia liderada pelo doutorando Clenivaldo Pires da Silva da Universidade Estadual de Maringá (UEM) e pelo professor João Alencar Pamphile, que faleceu no mesmo ano devido ao coronavírus. O estudo culminou no desenvolvimento do programa de computador Gel Analysis App – Molecular Analysis Automation System. Essa ferramenta proporciona uma significativa redução no tempo de leitura de géis de eletroforese, uma técnica laboratorial usada para separar proteínas com base em características como tamanho, carga elétrica ou outras propriedades em análise. Com o programa, a análise de DNA, que normalmente levaria até uma semana, pode ser concluída em apenas alguns minutos.

“A rapidez dessa análise diante do método tradicional é surpreendente. Para se ter ideia, manualmente, em alguns dos géis demoramos até uma semana para fazer a leitura. Se tiver cerca de 300 fragmentos de DNA amplificados de vários indivíduos, vou demorar uma semana, pois faço a leitura visual de cada um. Pelo software, a leitura cai para minutos. É uma economia de tempo grande e de precisão também, porque imagine você separar visualmente fragmentos de DNA de alguns milímetros. Com o software, temos grande ganho temporal e de precisão”, celebra a professora do Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular (DBC), Claudete Aparecida Mangolim, que assumiu a pesquisa como orientadora de Silva.

O doutorando explica que participar do projeto tem sido um aprendizado intenso de várias ferramentas de tecnologia. “Está sendo ótimo para o meu crescimento profissional, pois estou aprendendo cada vez mais. Atualmente, estou trabalhando muito com o Bootstrap, que é uma ferramenta para desenvolvimento HTML, CSS e JavaScript. Com ela, geramos as árvores de filogenética, muito usadas na Biologia”, comenta Silva. As árvores filogenéticas são estruturas que expressam a similaridade e ancestralidade entre as pessoas.

Um dos principais diferenciais do software é a capacidade de realizar identificações e anotações automáticas de poços, marcadores de peso e bandas, utilizando Inteligência Artificial (IA), o que permite a leitura de géis com mínima intervenção humana. Além disso, o programa conta com uma interface simples e intuitiva. De acordo com Mangolim, o programa integra a análise dos fragmentos de DNA amplificados com a análise genética. “O processo começa com a aplicação do material genético no gel, depois fazemos a eletroforese, onde separamos os fragmentos por tamanhos. Em seguida, fotografamos a imagem e adicionamos no programa. A eletroforese é como se fosse uma peneira, você coloca esse material e o separamos nesse gel.”

A orientadora da pesquisa revela que por meio do Gel Analysis é possível fazer uma análise de diversidade genética, identificando igualdades e diferenças entre os indivíduos. “Temos várias aplicações, como por exemplo, marcadores para doenças e até mesmo teste de paternidade”, diz.

O coorientador da pesquisa, professor Julio Cesar Polonio, do DBC, esclarece que a motivação para a criação do software surgiu da própria demanda laboratorial de leituras de géis. Durante o estudo houve a necessidade da entrada de pesquisadores das áreas de matemática e informática. Para dar este suporte, entraram no estudo o mestrando do Programa de Pós-graduação em Ciência da Computação (PCC), formado em Matemática, Mateus Filipe Tavares Carvalho, e os professores do Departamento de Informática (DIN), Yandre Maldonado e Gomes da Costa e Franklin César Flores.

Da Redação

Foto – Reprodução

COMPARTILHE:
