

Fapemig apoia desenvolvimento de software que simula sistema imunológico humano

Qui 27 junho

A [Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais \(Fapemig\)](#) está apoiando o projeto do pesquisador e professor do curso de Ciência da Computação da Universidade Federal de São João Del Rei (UFSJ), Alexandre Pigozzo, que vem desenvolvendo um software de modelagem do organismo humano e simulação de respostas a diferentes tipos de infecções e tratamentos.

O sistema imunológico humano é uma rede complexa que trabalha em conjunto para defender o corpo contra invasores externos. Com a descoberta de novos patógenos, tem se tornado cada vez mais necessário e importante o desenvolvimento de modelos computacionais que são capazes de prever as reações do corpo humano.

O projeto interdisciplinar propõe o desenvolvimento de um software open source (de código aberto), que permitirá a todos os interessados utilizar e colaborar com a pesquisa. O objetivo é obter o maior número de respostas, mais precisas e atuais, para diferentes cenários, ampliando as modelagens de software existentes. Essa abordagem prevê respostas a diferentes estímulos, facilitando o desenvolvimento de tratamentos personalizados e a identificação e intervenções médicas.

Essa capacidade de simulação avançada pode ser essencial para diagnósticos mais precisos e tratamentos mais eficazes. "Se tivermos um modelo robusto, poderemos usá-lo para fazer previsões. Por exemplo, o que explica doenças autoimunes? Com esse modelo, podemos investigar hipóteses por meio de simulações computacionais", destaca Pigozzo.

O software desenvolvido foi pensado para pesquisadores iniciantes da área de modelagem computacional. "A ideia é oferecer a quem está iniciando uma ferramenta que, a partir de um desenho do modelo na interface gráfica, permite fazer simulações de forma interativa e gerar o código de programação com a implementação computacional do modelo", destaca.

Benefícios para a saúde e para a educação

Além do desenvolvimento técnico, o projeto tem um forte componente educativo. O software é uma ferramenta valiosa tanto para a pesquisa quanto para o ensino, auxiliando estudantes e pesquisadores na compreensão e na modelagem de sistemas biológicos complexos.

Alexandre Pigozzo enfatiza que a motivação principal é facilitar todo o processo da modelagem computacional, desde a construção do modelo até sua implementação e simulação no computador. "Para desenvolvermos um modelo, implementado no computador, fazer a simulação e depois interpretar os resultados, o aluno precisa de uma base forte de matemática e programação. Mas, além dessa base, o que o aluno precisa ter mesmo é a experiência prática de modelagem", explica.

O projeto envolve várias etapas essenciais que se conectam para alcançar uma modelagem precisa do sistema imunológico. Primeiramente, é essencial a coleta de dados biológicos detalhados dos pacientes, como informações genéticas e resultados de exames de sangue. Esses

dados são então integrados em um banco de dados central, em que são analisados e processados por algoritmos desenvolvidos especificamente para identificar padrões imunológicos.

A segunda etapa crucial é a construção do modelo computacional. O modelo é a representação matemática do sistema imunológico, que inclui diversas variáveis e parâmetros biológicos. O desafio é garantir que o modelo seja suficientemente complexo para capturar a dinâmica real do sistema imunológico, mas também eficiente o bastante para ser executado em um computador em tempo hábil.

“O legal do software é facilitar o primeiro contato do aluno com a modelagem computacional. A gente usa um código em Python e, quando o aluno abre os códigos, ele também consegue aprender como aquela simulação foi pensada no modelo computacional”, explica o professor.

“Depois que o modelo estiver implementado e testado, é possível fazer simulações e verificar os resultados. Um de nossos testes foi utilizando um modelo baseado na covid-19, construído a partir de dados da epidemia e de anticorpos de pacientes graves e moderados”, completou.

Uma vez construído o modelo, a fase de simulação permite que os pesquisadores testem várias hipóteses sobre como o sistema imunológico responderá a diferentes tipos de infecções ou tratamentos. Esses testes de simulação são vitais para identificar potenciais problemas e ajustar tratamentos antes de serem aplicados clinicamente.

Aplicabilidade do sistema

Outro aspecto inovador do projeto é a capacidade de personalização. Cada paciente tem um perfil imunológico único, e o software desenvolvido pelo pesquisador permite a criação de modelos personalizados que levam em conta essas diferenças individuais. É possível prever com maior precisão como um tratamento específico funcionará para um paciente em particular, melhorando significativamente a eficácia das terapias e reduzindo o risco de efeitos colaterais.

A aplicação prática desse software é vasta. Na medicina preventiva, ele pode ser utilizado para identificar indivíduos com maior risco de desenvolver determinadas doenças. Em oncologia, pode ajudar a personalizar tratamentos de imunoterapia, que são altamente eficazes, mas também complexos e caros. Além disso, o software pode ser uma ferramenta valiosa em pesquisas sobre doenças infecciosas.

O projeto de Pigozzo também promove uma colaboração interdisciplinar, reunindo especialistas em Biologia, Ciência da Computação, Estatística e Medicina. Essa abordagem colaborativa é essencial para enfrentar os desafios complexos da modelagem do sistema imunológico e garantir que os modelos computacionais sejam precisos e aplicáveis em contextos clínicos reais.