

AUTÔMATO CELULAR NO ESTUDO DE ESTRUTURAS TUMORAIS – CASO TRIDIMENSIONAL

Christopher Renkavieski¹, Gilmário Barbosa dos Santos²

¹ Acadêmico(a) do Curso de Bacharelado em Ciência da Computação, CCT.

² Orientador, Departamento de Ciência da Computação, CCT – gilmario.santos@udesc.br.

Palavras-chave: Tumor. Simulação. Autômato celular.

Um dos temas mais comuns e relevantes da medicina é o câncer, por ser uma doença extremamente perigosa e de tratamento difícil. Embora o câncer possa apresentar distintas formas e atacar diversas partes do corpo, com diferentes graus de malignidade, todos seguem o mesmo princípio: células que crescem de forma desordenada, formando um tumor. Devido a isso, compreender os padrões de crescimento de tumores é de vital importância para o desenvolvimento de tratamentos eficazes contra a doença, além de auxiliar na sua detecção.

Tendo isso em mente, o principal objetivo deste trabalho de pesquisa foi o desenvolvimento de um simulador para o crescimento de um tumor, em três dimensões, a partir de uma única célula cancerígena. O simulador foi elaborado tendo como base o modelo de autômatos celulares, que são sistemas compostos por células individuais, onde cada célula apresenta um estado único em um dado tempo. O tempo do autômato avança em passos discretos, e a cada passo o estado de suas células é atualizado, simultaneamente, de acordo com a vizinhança de cada célula. No contexto desse simulador, uma célula do autômato pode representar uma célula cancerígena, um vazo sanguíneo, ou um espaço vazio, sendo que as células cancerígenas podem ser de três tipos: proliferativas, quiescentes ou necróticas. A esse modelo também foram adicionadas equações diferenciais de reação e difusão para a distribuição das concentrações de substâncias que influenciam na evolução das células do tumor, sendo elas oxigênio, glicose e fator angiogênico.

O simulador foi desenvolvido em duas partes: a primeira, em linguagem de programação C, realiza a simulação propriamente dita, e, após um determinado número de passos de tempo, salva as posições de cada célula em quatro arquivos de texto, sendo um para cada tipo de célula. A segunda parte, em linguagem de programação Python, lê esses arquivos de texto para gerar uma visualização gráfica do tumor simulado. É possível representar graficamente todo o tumor, ou apenas algum tipo específico de célula, e pode-se fazer essa visualização para todos os momentos salvos da simulação.

As simulações realizadas apresentaram resultados satisfatórios, com os tumores apresentando forma aproximadamente esférica, com as células proliferativas nas bordas, e com os vasos sanguíneos crescendo em direção ao tumor.

Para o futuro, pretende-se refinar a ferramenta, especialmente em sua interface gráfica, definir uma métrica para quantificar a malignidade do tumor gerado na simulação, e consultar um especialista na área médica para avaliar os resultados apresentados pela simulação.