

AUTÔMATO CELULAR NO ESTUDO DE TUMOR – CASO TRIDIMENSIONAL

Christopher Renkavieski ¹, Gilmário Barbosa dos Santos²

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

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

Palavras-chave: Tumor. Simulação. Autômato celular.

O câncer é um dos temas mais importantes na área de medicina, devido ao alto risco e à dificuldade de tratamento desta doença. Embora existam inúmeros tipos de câncer, com diferentes graus de malignidade e que atacam diferentes partes do corpo, o princípio básico do crescimento de um tumor é a multiplicação desordenada de células, que formam uma massa tumoral. Devido a isso, entender os padrões de crescimento dos tumores é algo de extrema relevância para a medicina, pois auxilia na detecção da doença, na predição do seu desenvolvimento, e na elaboração de tratamentos eficazes contra a doença.

Levando isso em consideração, este projeto de pesquisa tem como principal objetivo o desenvolvimento de um simulador em três dimensões do crescimento de uma massa tumoral, tendo uma única célula cancerígena como semente.

O simulador usa como base o modelo de autômatos celulares, que consiste de um conjunto de células discretas, dispostas no espaço, e que ocupam um estado único em um dado instante de tempo. O avanço de tempo do autômato também é discreto, e a cada passo de tempo os estados das suas células são atualizados simultaneamente. O novo estado de uma célula depende do seu estado anterior, além do estado anterior das suas células vizinhas. Neste trabalho, o autômato celular é utilizado para representar o espaço da simulação, onde uma célula do autômato pode representar uma célula cancerígena, um vaso sanguíneo ou um espaço vazio. Uma célula cancerígena, por sua vez, pode ser de três tipos: proliferativa, quiescente ou necrótica.

Além dos autômatos celulares, também são utilizadas equações de reação e difusão para modelar as concentrações de substâncias que influenciam a evolução do tumor, sendo elas oxigênio, glicose e fatores angiogênicos (TAF – *Tumor Angiogenesis Factors*).

O simulador foi desenvolvido em linguagem C. Durante a simulação, periodicamente as posições de cada célula são salvas em arquivos de texto, que podem ser lidos para gerar a visualização do tumor em diferentes estágios da sua evolução. A leitura e a visualização são realizadas por um segundo módulo da ferramenta, em linguagem Python, que permite visualizar todo o tumor, ou somente algum tipo específico de célula.

Os resultados apresentados pelo simulador são comparados aos resultados apresentados por outras ferramentas para simulação de tumores e a resultados apresentados na literatura científica. Os tumores gerados apresentam forma aproximadamente esférica, com assimetrias causadas pela heterogeneidade na distribuição e multiplicação dos vasos sanguíneos.

O trabalho desenvolvido e os resultados obtidos foram publicados na edição de 2018 do evento *Computer on the Beach*, organizado pela Universidade do Vale do Itajaí (UNIVALI).

Para o futuro, tem-se como objetivo principal aprimorar a validade do simulador, comparando os resultados obtidos por meio dele a imagens tridimensionais de tumores reais.