

NuMHC - Simulação do MHC

Aluno: Helio Tsutomu Matayoshi
Orientador: Prof. Marcelo Finger
Colaborador: Prof. Eduardo Finger

1. INTRODUÇÃO

O sistema imunológico, por inteiro, pode ser definido como um complexo emaranhado de reações químicas e, que em muitas ocasiões não o entendemos completamente.

Uma das partes mais importantes dele é o MHC (Major Histocompatibility Complex). Nele encontramos todas as informações sobre nossas próprias células e também as de agressores que nos atacaram em algum momento de nossas vidas. Com todas essas informações, ele é o responsável por coordenar todo o ataque realizado contra qualquer organismo que tenha invadido o nosso corpo. Pode se dizer que se ele não existesse, o sistema imunológico não funcionaria.

2. OBJETIVO

O objetivo do projeto foi a criação de um simulador de verificação de antígenos (responsabilidade do MHC - Major Histocompatibility Complex) por meio de um modelo de estados.

A modelagem foi realizada através do programa chamado NuSMV, que nos possibilita a rapidamente criar um complexo modelo de estados e fazer sua verificação utilizando apenas algumas linhas de código.

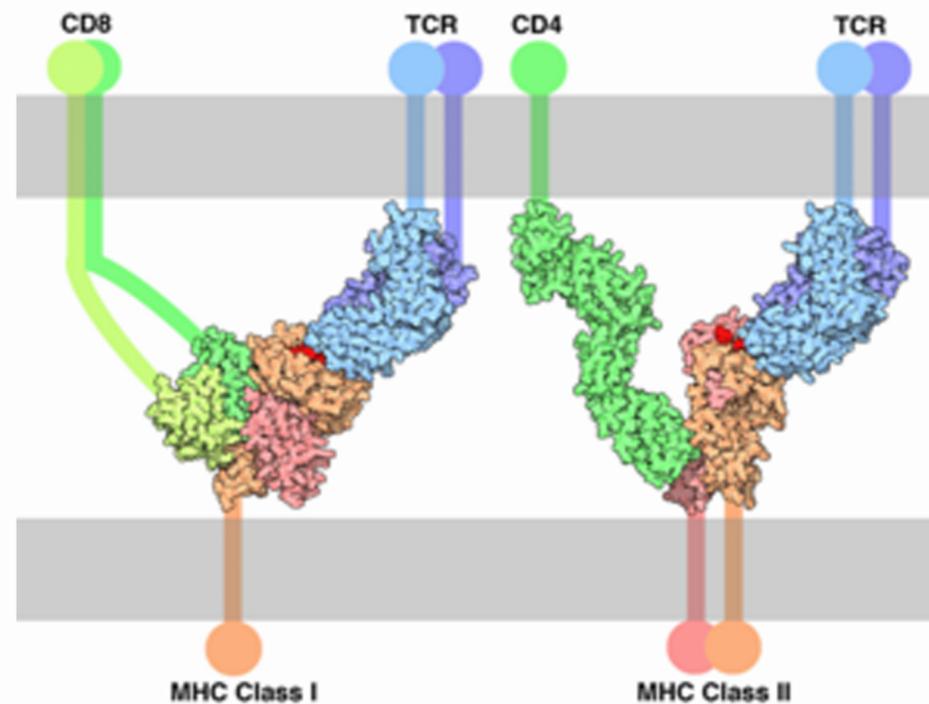


Figura 1: Estrutura conhecida do MHC Classe I e MHC Classe II

3. MHC

O MHC é formado por inúmeras proteínas que agem como indicadores de antígenos (tanto do indivíduo como de invasores externos) nas superfícies das células do indivíduo. Cada proteína é formada por uma cadeia de aminoácidos. Assim, o MHC é capaz de reconhecer os antígenos através de fragmentos obtidos do elemento a ser identificado, ou seja, é verificado se os fragmentos do elemento desconhecido faz ligação com alguma parte do MHC através das forças que interagem entre os aminoácidos. Caso tal ligação seja efetivada, então dependendo da região onde o fragmento se ligou o MHC o reconhece como algo próprio do hospedeiro ou como algo externo.

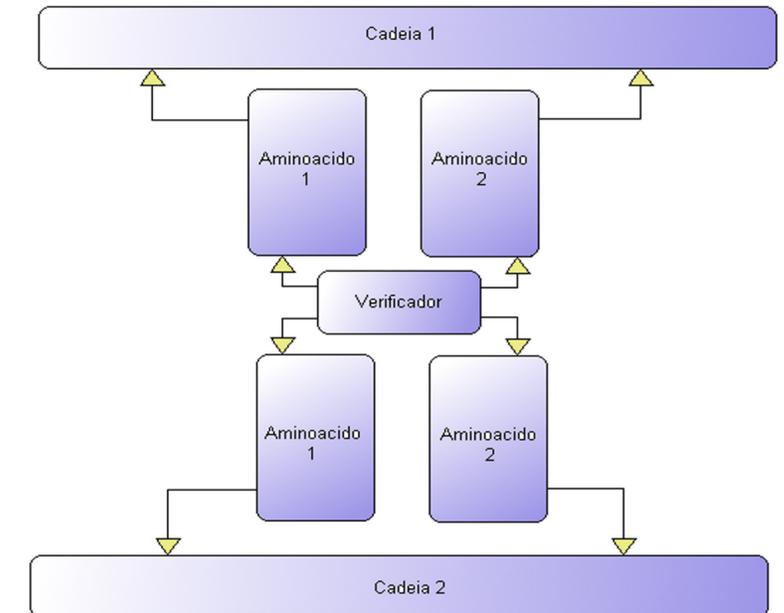


Figura 2: Estrutura abstrata do modelo lógico criado através do NuSMV

4. Modelagem com NuSMV

A modelagem de cada cadeia se fez apenas em um único módulo. Cada módulo contém um vetor indicando os aminoácidos da cadeia. Cada cadeia foi representada através de dois apontadores que indicam duas posições diferentes entre si. Para verificar se as duas cadeias conseguem se ligar, um módulo diferente verifica se os dois aminoácidos apontados por cada cadeia se ligam fortemente e se eles estão a distâncias iguais.

5. Referências

- Livro: Imunobiologia (Janeway, Travers, Walport, Shlomchik) - 6ª Edição
- Livro: Logic in Computer Science (Huth, Ryan) - 2ª Edição

