

Declaração de Direito Autoral A Participação adota a Licença Creative Commons de Atribuição (CC-BY 4.0) em todos os trabalhos publicados, de tal forma que são permitidos não só o acesso e download gratuitos, como também o compartilhamento, desde que sem fins lucrativos e reconhecida a autoria. Fonte:

<https://periodicos.unb.br/index.php/participacao/about/submissions>.

Acesso em: 19 jul. 2021.

REFERÊNCIA

MIRANDA, Rodrigo A. *et al.* Abordagem de sistemas dinâmicos para a COVID-19: interação não-linear entre o vírus e o sistema imunológico, e teoria de informação.

Participação, Brasília, ano 19, ed. esp., n. 34, p. 124-126, nov. 2020. Disponível em:

https://drive.google.com/file/d/1_y95_7QMT_wC8vhwQUCJamcPgTvbjtBC/view.

Acesso em: 19 jul. 2021.

ABORDAGEM DE SISTEMAS DINÂMICOS PARA A COVID-19: INTERAÇÃO NÃO-LINEAR ENTRE O VÍRUS E O SISTEMA IMUNOLÓGICO, E TEORIA DE INFORMAÇÃO

Dynamical Systems Approach to COVID-19: Nonlinear Interaction between the Virus and the Immunological System, and Information Theory

Rodrigo A. Miranda¹

Adriane B. Schelin²

Ronni G. G. de Amorim³

Lorena de S. Moreira³

Estudos teóricos da dinâmica da interação entre infecções virais e o sistema imunológico tem contribuído para o entendimento e previsão de doenças (NOWAK; MAY, 2000; PERELSON, 2002). Além disso, ferramentas de teoria de informação têm sido úteis para a análise e quantificação da presença de padrões em sinais complexos, em particular, sequências genéticas (SCHMITT; HERZEL, 1997; NOWAK; HAEUSSLER, 2013).

Os sistemas dinâmicos vêm sendo utilizados para entender e prever a progressão dinâmica de diversas doenças (NOWAK; MAY, 2000; PERELSON, 2002). Por exemplo, modelos do tipo predador-preça baseados nas equações de Lotka-Volterra têm sido elaborados para o entendimento do vírus de imunodeficiência humana (HIV, do inglês Human Immunodeficiency Virus) durante mais de três décadas e validados usando dados clínicos reais. Modelos não-lineares da interação entre o sistema imunológico e o vírus permitem entender e prever a

1 Coordenador(a). Coordenador. Faculdade do Gama, Campus UnB Gama/Universidade de Brasília.

2 Instituto de Física, Campus Darcy Ribeiro/Universidade de Brasília.

3 Faculdade do Gama, Campus UnB Gama/Universidade de Brasília.

efetividade de tratamentos e terapias (PERELSON, 2002; MOREIRA; CERDA; AMORIM, 2019).

Ferramentas de teoria de informação têm sido úteis para a análise de sinais complexos. A entropia de Shannon é um índice que permite quantificar o grau de desordem em um sistema, e tem sido aplicado para a análise de sequências de DNA (SCHMITT; HERZEL, 1997; NOWAK; HAEUSSLER, 2013). A teoria de informação pode ser útil para quantificar a presença de padrões nas sequências genéticas do SARS-CoV-2 e comparar com as sequências obtidas por pesquisadores em outros lugares do mundo.

O presente projeto propõe utilizar ferramentas de sistemas dinâmicos para contribuir às pesquisas da doença COVID-19. O projeto tem como objetivos a construção e análise numérica de um modelo da interação não-linear entre o vírus SARS-CoV-2 e o sistema imunológico, e a análise de sequências genéticas de DNA e RNA virais utilizando índices de complexidade.

O Proponente e colaboradores recentemente analisaram um modelo não-linear de infecção por HIV sob tratamento antirretroviral (MOREIRA; CERDA; AMORIM, 2019). O modelo reproduz várias características da infecção por HIV, por exemplo, surto inicial, período de dormência e colapso do sistema imunológico. Além disso, o modelo demonstra que a infecção pode apresentar comportamento caótico e intermitente. O modelo pode ser modificado para representar a interação entre o vírus SARS-CoV-2 e o sistema imunológico.

A entropia de Shannon é um índice que permite quantificar o grau de desordem em sequências de DNA (SCHMITT; HERZEL, 1997; NOWAK; HAEUSSLER, 2013). O Coordenador do projeto possui experiência no cálculo de entropia aplicado à simulações de fluidos turbulentos e em sinais sísmicos. Pretende-se aplicar índices de teoria de informação tais como a entropia de Shannon e o índice de complexidade Jensen-Shannon para quantificar o nível de complexidade da sequência de cadeias de DNA e RNA virais.

Através da aplicação de ferramentas de sistemas dinâmicos em

modelos não-lineares da interação entre o SARS-CoV-2 e o sistema imunológico espera-se identificar regimes de estabilidade e instabilidade, dinâmica periódica e caótica, transições para caos e comportamento intermitente.

A aplicação da entropia de Shannon às sequências de RNA e DNA permitirá a identificação de padrões na sequência de cadeias de DNA e RNA, e quantificar o grau de ordem/desordem. Dependendo da disponibilidade, a entropia de Shannon poderá ser aplicada à sequência do SARS-CoV-2.

Todos os códigos do projeto estarão disponíveis no endereço <https://gitlab.com/rmiracer/> através de uma licença de código livre. O projeto também contribuirá para a capacitação de estudantes de graduação através de projetos de iniciação científica.

REFERÊNCIAS

MOREIRA, L. de S.; CERDA, R. A. M.; AMORIM, R. G. G. de. Route to chaos in a nonlinear model of hiv dynamics with antiretroviral treatment. In: SPRINGER. **Latin American Conference on Biomedical Engineering**. [S.l.], 2019. p. 694–698.

NOWAK, H.; HAEUSSLER, P. Energy–entropy dispersion relation in dna sequences. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, Elsevier, v. 392, n. 19, p. 4688–4700, 2013.

NOWAK, M.; MAY, R. M. **Virus dynamics: mathematical principles of immunology and virology: mathematical principles of immunology and virology**. [S.l.]: Oxford University Press, UK, 2000.

PERELSON, A. S. Modelling viral and immune system dynamics. **Nature Reviews Immunology**, Nature Publishing Group, v. 2, n. 1, p. 28–36, 2002.

SCHMITT, A. O.; HERZEL, H. Estimating the entropy of DNA sequences. **Journal of Theoretical Biology**, Elsevier, v. 188, n. 3, p. 369–377, 1997.

PALAVRAS-CHAVE: Sistemas dinâmicos, Caos, Simulação numérica, Teoria de informação, Modelos não-lineares.