****

**Defesa de Tese de Doutorado em Modelagem Computacional**

**DATA:** 20/03/2015

**HORÁRIO:** 14h

**LOCAL:** Auditório 03, do Edifício Itamar Franco, na Faculdade de Engenharia.

**“Acoplamento de modelos Computacionais de Doenças Infecciosas”**

**Doutoranda: Bárbara de Melo Quintela**

**Orientador: Prof. Marcelo Lobosco**

**BANCA EXAMINADORA:**

Prof. Marcelo Lobosco (Presidente/Orientador) - UFJF, D.Sc.

Prof. Rodrigo Weber dos Santos (Coorientador) - UFJF, D.Sc.

Prof. Alan S. Perelson - Los Alamos National Laboratoryk, Ph.D.

Prof.ª Elizabeth Maura Cherry - Rochester Institute of Technology, Ph. D.

Prof.ª Alcione de Paiva Oliveira - UFV, D. Sc.

Prof. Luis Paulo Barra da Silva - UFJF, D. Sc.

Prof.ª Priscila Vanessa Zabala Capriles Goliatt - UFJF, D.Sc.

**RESUMO:**

O desenvolvimento de modelos matemáticos da resposta imunológica permite que os mecanismos desse sistema de defesa possam ser melhor compreendidos. O objetivo principal deste trabalho é o estabelecimento de um acoplamento de modelos distintos em diferentes escalas e aspectos do sistema imune. São apresentados dois exemplos de acoplamento: no primeiro, um modelo em que o processo de inflamação local no pulmão é descrito por Equações Diferenciais Parciais (EDPs) enquanto um sistema de Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs) é utilizado para representar a resposta sistêmica. A simulação de diferentes cenários permite a análise da dinâmica de diversas células do sistema imune na presença de um patógeno (bactéria). No segundo exemplo, um conjunto de equações ordinárias que representa uma infecção pelo vírus da hepatite C (HCV) é acoplado a um sistema de equações diferenciais parciais que foi desenvolvido para representar a dinâmica intracelular. Esse exemplo permitiu o estudo da replicação do HCV sob efeito de terapia com uso de drogas do tipo DAAs (*Direct Acting Anti-virus*) e foi validado comparando-se a dados experimentais.