

Descrição do Projeto

Projeto realizado pelos alunos

Daniel Thielmann

Gustavo Martins

Hiero Costa

Professor e Orientador

Gabriel Souza

Disciplina

DCC103 - Neurociência Computacional

Resumo

Este projeto implementa o modelo de Hodgkin-Huxley (HH) para descrever a propagação de potenciais de ação em um neurônio modelado como um cabo unidimensional (1D) com bainha de mielina. O modelo é baseado na equação do cabo e nos princípios biofísicos do modelo HH para correntes iônicas. A simulação calcula a evolução do potencial de membrana ao longo de uma fibra axonal em função do tempo e do espaço.

O código é projetado para:

1. Simular a dinâmica do potencial de membrana em uma fibra com bainha de mielina.
2. Comparação entre regiões com e sem bainha de mielina.
3. Gráficos de abertura dos canais iônicos e suas relações..
4. Produzir um GIF animado mostrando a evolução da voltagem ao longo do tempo.

Requisitos de Execução

Dependências

As bibliotecas necessárias são:

- **numpy**: Para operações matemáticas e manipulação de arrays.
- **matplotlib**: Para geração de gráficos e visualização.
- **imageio**: Para criação de GIFs animados.

Instale essas dependências com:

```
pip install numpy matplotlib imageio
```

Execução

A simulação é executada via terminal com a seguinte estrutura de comando:

```
$ python main.py config.txt
```

- **main.py**: Nome do script Python.
- **config.txt**: Arquivo contendo informações do projeto.

Entradas

O código aceita os seguintes parâmetros, que podem ser configurados no arquivo **config.txt** ou diretamente no código:

Parâmetros Biofísicos

- **C_m**: Capacitância da membrana ($\mu\text{F}/\text{cm}^2$) – padrão: **1.0**.
- **g_{Na}**: Condutância máxima dos canais de sódio (mS/cm^2) – padrão: **120.0**.
- **g_K**: Condutância máxima dos canais de potássio (mS/cm^2) – padrão: **36.0**.
- **g_L**: Condutância de vazamento (mS/cm^2) – padrão: **0.3**.
- **E_{Na}**: Potencial de reversão dos canais de sódio (mV) – padrão: **50.0**.
- **E_K**: Potencial de reversão dos canais de potássio (mV) – padrão: **-77.0**.
- **E_L**: Potencial de reversão da corrente de vazamento (mV) – padrão: **-54.387**.

Parâmetros Geométricos

- **a**: Raio do axônio (μm) – padrão: 15.
- **R**: Resistência longitudinal do axônio ($\text{ohm}\cdot\text{cm}$) – padrão: 5000.

Parâmetros de Simulação

- **dx**: Passo espacial (cm) – padrão: 0.01.
- **dt**: Passo temporal (ms) – padrão: 0.01.
- **L**: Comprimento total do axônio (cm) – padrão: 3.0.
- **T**: Tempo total de simulação (ms) – padrão: 50.0.

Corrente Externa

- **$I_{\text{ap}}(t, x)$** : Função que define a corrente de estímulo aplicada em um determinado ponto espacial e instante de tempo. Configurável pelo usuário.

Saídas

1. Tabela de Dados

O código gera uma matriz contendo os valores do potencial de membrana para cada ponto espacial e cada instante de tempo.

2. Gráficos

O código gera gráficos de comparação entre regiões com e sem bainha de mielina e gráficos de abertura dos canais iônicos e suas relações.

3. GIF Animado

Um GIF chamado `propagacao_potencial.gif` é criado, mostrando a evolução do potencial ao longo do tempo e do espaço.

Descrição das Funções

Funções Auxiliares

Estas funções calculam as taxas de transição para os canais iônicos:

- `safe_exp(x)`: Evita overflow em cálculos exponenciais.
- `alpha_n(V)`, `beta_n(V)`: Parâmetros do canal de potássio.
- `alpha_m(V)`, `beta_m(V)`: Parâmetros do canal de sódio (ativação).
- `alpha_h(V)`, `beta_h(V)`: Parâmetros do canal de sódio (inativação).

Função Principal

`hodgkin_huxley_1D()`

- Simula a propagação do potencial de ação ao longo do axônio.
- Utiliza métodos numéricos para resolver a equação diferencial parcial da equação do cabo.
- Retorna uma matriz 2D (`V_time`) com os valores do potencial de membrana.

Função de Visualização

`create_hodgkin_huxley_gif(V_time, output_gif_path, dx, dt, y_amplitude, frame_skip)`

- Cria um GIF animado mostrando a propagação do potencial ao longo do tempo.
- Configura a escala dos gráficos para manter a consistência visual.

Fluxo de Execução

- Inicialização:**
 - Abre o arquivo `config.txt` com informações do projeto.
 - Define os parâmetros biofísicos, geométricos e de simulação.
 - Configura as condições iniciais para os gates e o potencial de membrana.
- Simulação:**
 - Itera ao longo do tempo, calculando os valores do potencial de membrana e atualizando os estados dos canais iônicos.
- Armazenamento dos Resultados:**
 - Armazena os valores calculados em uma matriz 2D para visualização posterior.
- Visualização:**
 - Gera gráficos para momentos específicos da simulação.
 - Cria um GIF para representar a evolução do potencial.

Exemplo de Execução

Parâmetros Utilizados

$C_m = 1.0$

$g_{Na} = 120.0$

$g_K = 36.0$

$g_L = 0.3$

$E_{Na} = 50.0$

$E_K = -77.0$

$E_L = -54.387$

$a = 15$

$R = 5000$

$dx = 0.01$

$dt = 0.01$

$L = 3.0$

$T = 50.0$

Resultado Esperado

- Um gráfico com a comparação entre regiões com e sem bainha de mielina.
- Um gráfico de abertura dos canais iônicos e suas relações.
- Um GIF mostrando a propagação da voltagem ao longo do axônio.

Conclusão

Este projeto oferece uma implementação robusta e personalizável para simular e visualizar a propagação do potencial de ação em um neurônio modelado como um cabo 1D. Ele é uma ferramenta poderosa para entender a dinâmica biofísica dos neurônios, permitindo análise visual e ajustabilidade.