



# Proyecto Final. Modelado Dinámico y Análisis de Convergencia de Modelos Biológicos.

#### Departamento de Ingeniería Eléctrica y Electrónica

Tecnológico Nacional de México [TecNM - Tijuana], Blvd. Alberto Limón Padilla s/n, C.P. 22454, Tijuana, B.C., México

#### **Table of Contents**

Información general	
1. Objetivo	2
2. Adquisición y Preprocesamiento de Datos Experimentales	2
2.1 Datos Experimentales	2
2.2 Grafica de datos experimentales (Raw data)	
2.3 Datos Suavizados (Smooth Data)	
2.4 Grafica de Datos Suavizados	
2.5 Modelo del Sistema	5
2.6 Visualizacion de dinamica del sistema biológico (Biorender)	5
3. Algoritmo de Regresion No Lineal	6
3.1 Datos de Regresion No Lineal	6
3.2 Grafica de Regresion No Lineal	7
4. Matriz Jacobiana	
4.1 Matriz Numérica	
4.2 Puntos de equilibrio	
5. Estabilidad Local	
6. Predicción Exponencial a 2t	
6.1 Grafica de ajuste a 2t	
7. Conclusión	
8. Funciones de Práctica	11
8.1 Grafica de Datos Experimentales (Raw Data)	
8.2 Grafica de Datos Suavizados	
8.3 Regresión No Lineal	
8.4 Ajuste del Modelo Matemático (Fitting_model)	
8.5 Graficas a Escala 2t	
Referencias	18

# Información general



Nombre del alumno: Carlos Andrés Gil Gárate

Número de control: 21212743

Correo institucional: 21212743@tectijuana.edu.mx

Asignatura: Gemelos Digitales

Docente: Dr. Paul Antonio Valle Trujillo; paul.valle@tectijuana.edu.mx

# 1. Objetivo

Aplicar herramientas de modelado matemático y análisis computacional para representar y estudiar el comportamiento dinámico de un sistema biológico a partir de datos experimentales in vitro, mediante la suavización de señales, el ajuste de funciones exponenciales tipo 2T y la visualización de su convergencia en el tiempo, con el fin de validar la estabilidad local del sistema y caracterizar su tendencia asintótica hacia los puntos de equilibrio.

## 2. Adquisición y Preprocesamiento de Datos Experimentales

### 2.1 Datos Experimentales

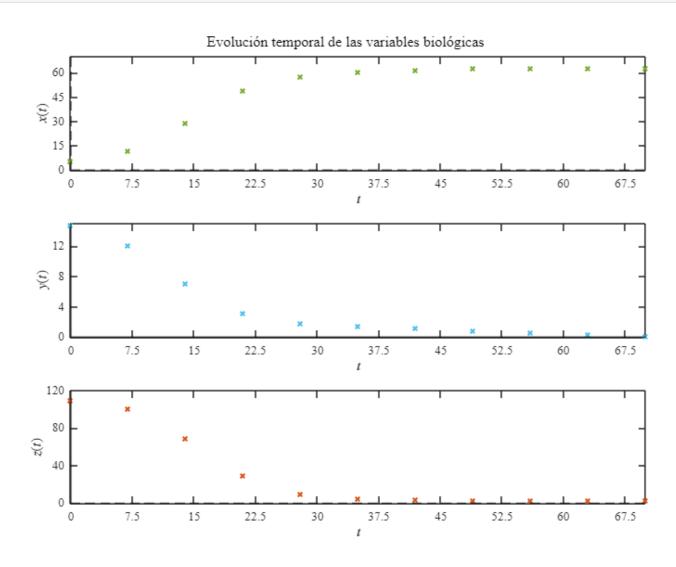
```
clc; clear; close all; warning('off','all')
filename = 'data (5).csv';
sys = readmatrix(filename);
t = round(sys(:,1));
x1 = sys(:,2); y1 = sys(:,3); z1 = sys(:,4);
T = array2table([t, x1, y1, z1],'VariableNames', {'Tiempo', 'x1(t)', 'y1(t)', 'z1(t)',});
disp(T)
```

Tiempo	x1(t)	y1(t)	<b>z1(t)</b>
0	5.596	14.8	109.84
7	11.975	12.135	100.18
14	29.188	7.048	68.925
21	48.982	3.126	29.523
28	57.75	1.786	9.812

```
4.976
35
        60.279
                    1.431
42
        61.764
                    1.158
                               3.581
                               3.064
49
        62.522
                    0.881
56
        62.732
                    0.606
                                2.91
         62.91
                    0.321
                               2.804
63
70
        62.881
                    0.114
                                2.73
```

## 2.2 Grafica de datos experimentales (Raw data)

plotGraficas(t,x1,y1,z1)



# 2.3 Datos Suavizados (Smooth Data)

```
sys = readmatrix(filename);
t = sys(:,1);
x1 = sys(:,2);
y1 = sys(:,3);
z1 = sys(:,4);

x0 = smoothdata(x1);
y0 = smoothdata(y1);
```

```
zo =smoothdata(z1);

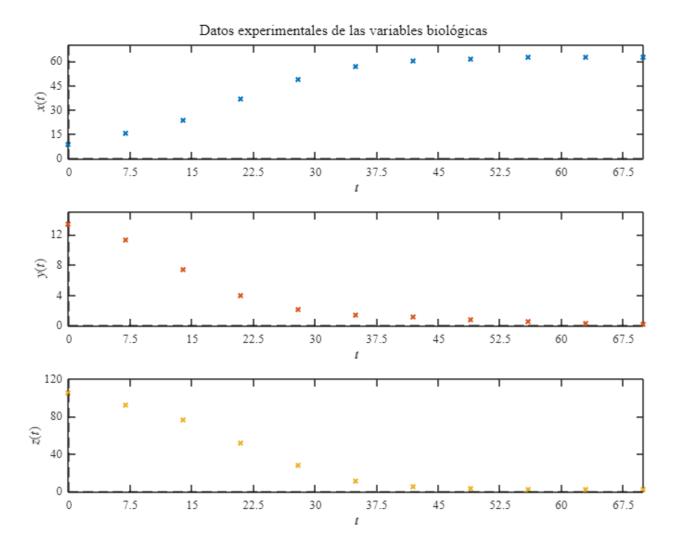
Ts = array2table([t, xo, yo, zo],'VariableNames', {'Tiempo', 'x_suave', 'y_suave',
   'z_suave',});
disp(Ts)
```

Tiempo	x_suave	y_suave	z_suave
0	8.7855	13.468	105.01
7	15.586	11.328	92.98
14	23.935	7.4363	77.116
21	36.974	3.9867	52.109
28	49.05	2.1143	28.309
35	57.194	1.4583	11.973
42	60.579	1.1567	5.3582
49	61.824	0.88167	3.6327
56	62.482	0.60267	3.0897
63	62.761	0.347	2.877
70	62.841	0.2175	2.8147

writetable(Ts,'data\_smooth.csv');

# 2.4 Grafica de Datos Suavizados

```
plotGraficas1(t,xo,yo,zo);
```



## 2.5 Modelo del Sistema

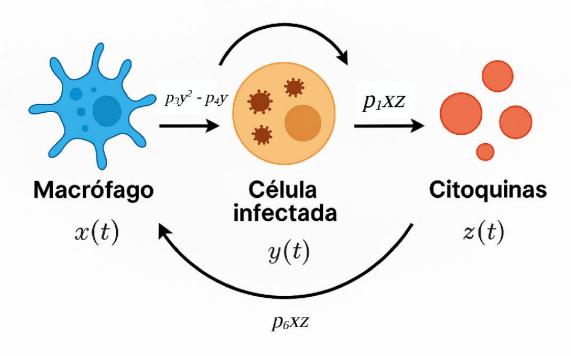
$$\dot{x}=p_1xz+p_2x$$

$$\dot{y}=p_3y^2-p_4y$$

$$\dot{z} = p_5 z - p_6 x z$$

# 2.6 Visualizacion de dinamica del sistema biológico (Biorender)

# Modelo dinámico de respuesta inmune celular



Interacción  $x \rightarrow y$ : Representa cómo los macrófagos influyen en la células infectadas.

Interacción  $y \rightarrow z$ : Interacción positiva de las células infectadas con citocinas.

Interacción  $z \rightarrow x$ : Representa la autoregulación entre las entidades de citocinas con los macrófagos.

## 3. Algoritmo de Regresion No Lineal

## 3.1 Datos de Regresion No Lineal

P0 = [0.0010567, 0.0006, 0.00363, 0.07704, 0.0097, 0.00232]; [mdl, xa, ya, za] = Model1 (t, xo, yo, zo, P0);

Sample size (n): 11

Parameters to be estimated (pars): 6

Degrees of freedom: 27

Significance level (alpha): 0.05

t-Student value: 2.0518

Adjusted R-squared: 0.99813

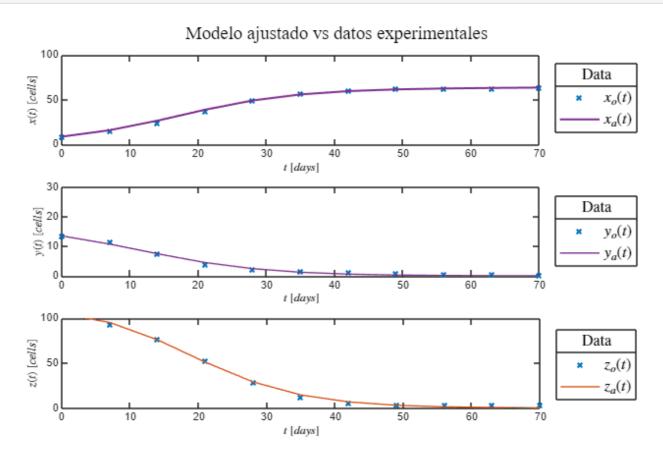
Corrected AIC (n/pars < 40): 121.499

Parameters	Estimate	SE	MoE	CI	95	pvalue
{'p1'}	0.00083882	1.7184e-05	3.526e-05	0.00080356	0.00087408	7.1031e-28
{'p2'}	0.00059021	0.00073825	0.0015148	0.00092456	0.002105	0.431
{'p3'}	0.0063883	0.0037043	0.0076006	0.0012124	0.013989	0.096042

{'p4'}	0.11021	0.038284	0.078552	0.031661	0.18877	0.0077161
{'p5'}	0.011358	0.0023102	0.0047401	0.0066175	0.016098	3.8137e-05
{'p6'}	0.0020832	0.000105	0.00021543	0.0018678	0.0022987	1.2466e-17

## 3.2 Grafica de Regresion No Lineal

```
plotModel1(t,[xo,xa],[yo,ya],[zo,za]);
```



# 4. Matriz Jacobiana

```
%% Matriz Jacobiana
clear; clc
syms x y z p1 p2 p3 p4 p5 p6

% Definición del sistema
dx = p1*x*z + p2*x;
dy = p3*y^2 - p4*y;
dz = p5*z - p6*x*z;

% Matriz Jacobiana simbólica
J = jacobian([dx, dy, dz], [x, y, z]);
disp('Matriz Jacobiana simbólica del sistema:'); disp(J)
```

Matriz Jacobiana simbólica del sistema:

```
\begin{pmatrix}
p_2 + p_1 z & 0 & p_1 x \\
0 & 2 p_3 y - p_4 & 0 \\
-p_6 z & 0 & p_5 - p_6 x
\end{pmatrix}
```

```
% Parámetros ajustados
params = [p1, p2, p3, p4, p5, p6];
values = [0.00083882, 0.00059021, 0.0063883, 0.11021, 0.011358, 0.0020832];
```

#### 4.1 Matriz Numérica

```
% Sustitución de parámetros numéricos
Jnum = subs(J, params, values);
disp('Matriz Jacobiana numérica (en función de x, y, z):'); disp(Jnum)
```

Matriz Jacobiana numérica (en función de x, y, z):

$$\begin{pmatrix} \frac{7736748931954523 z}{9223372036854775808} + \frac{5443726409872057}{9223372036854775808} & 0 & \frac{7736}{92235} \\ 0 & \frac{7365208447879921 y}{576460752303423488} - \frac{11021}{100000} \\ -\frac{4803532156793967 z}{2305843009213693952} & 0 & \frac{16368603061655}{144115188075855} \end{pmatrix}$$

```
% Evaluación en el punto de equilibrio (0, 0, 0)
Jeval_num = subs(Jnum, {x, y, z}, {0, 0, 0});
Jeval_num = double(Jeval_num);

% Limpieza de la matriz para evitar valores muy pequeños no significativos
Jeval_num(abs(Jeval_num) < 1e-6) = 0;</pre>
```

#### 4.2 Puntos de equilibrio

```
fprintf('\nMatriz Jacobiana evaluada en el punto (0, 0, 0):\n'); disp(Jeval_num);
Matriz Jacobiana evaluada en el punto (0, 0, 0):
   0.0006
                0
                          0
       0
           -0.1102
                          0
                     0.0114
        0
                0
fprintf('\nValores propios (eigenvalores):\n'); disp(round(eig(Jeval_num), 6));
Valores propios (eigenvalores):
  -0.1102
   0.0006
   0.0114
```

#### 5. Estabilidad Local

```
clc; clear; close all; warning('off','all')

% Parámetros ajustados
p1 = 0.00083882;
p2 = 0.00059021;
```

```
p3 = 0.0063883;
p4 = 0.11021;
p5 = 0.011358;
p6 = 0.0020832;
% Variables simbólicas
syms x y z
% Definición del sistema
dx = p1*x*z + p2*x;
dy = p3*y^2 - p4*y;
dz = p5*z - p6*x*z;
% Resolución de puntos de equilibrio simbólicos
edos = solve([dx == 0, dy == 0, dz == 0], [x, y, z], 'Real', true);
% Extraer soluciones reales (si hay)
xe = double(edos.x);
ye = double(edos.y);
ze = double(edos.z);
% Filtrar resultados válidos (eliminar NaN)
idx_validos = ~(isnan(xe) | isnan(ye) | isnan(ze));
xe = xe(idx_validos);
ye = ye(idx validos);
ze = ze(idx_validos);
% Tabla de puntos de equilibrio
n = length(xe);
nombres = cell(n,1);
for i = 1:n
    nombres{i} = sprintf('(x%d,y%d,z%d)',i,i,i);
end
Equilibria = table(xe, ye, ze, 'RowNames', nombres);
Equilibria.Properties.VariableNames = {'x*','y*','z*'};
fprintf('\nPuntos de equilibrio del sistema ajustado:\n'); disp(Equilibria)
```

Puntos de equilibrio del sistema ajustado:

```
х*
                           у*
                                        z*
                                            0
(x1,y1,z1)
                    0
                               0
(x2,y2,z2)
               5.4522
                          17.252
                                     -0.70362
                          17.252
(x3,y3,z3)
(x4, y4, z4)
               5.4522
                               0
                                     -0.70362
```

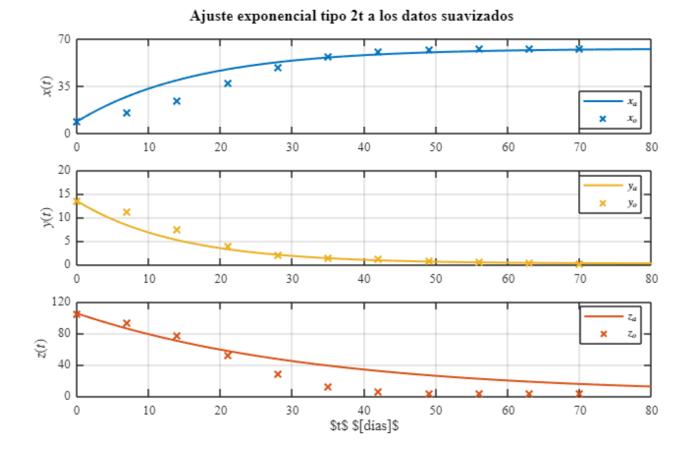
Eigenvalores de la Jacobiana evaluada en cada punto de equilibrio:

	$\lambda_1$	λ <sub>2</sub>	λ₃
(x1,y1,z1)	-0.11021	0.00059021	0.011358
(x2,y2,z2)	0.0025891	-0.0025891	0.11021
(x3,y3,z3)	0.00059021	0.011358	0.11021
(x4,y4,z4)	0.0025891	-0.0025891	-0.11021

## 6. Predicción Exponencial a 2t

```
filename = 'data (5).csv';
sys = readmatrix(filename);
t = sys(:,1);
x1 = sys(:,2);
y1 = sys(:,3);
z1 = sys(:,4);
% Suavizar señales
xo = smoothdata(x1);
yo = smoothdata(y1);
zo = smoothdata(z1);
% Valores iniciales y finales
x0 = xo(1);
                x_{inf} = xo(end);
                                       kx = 0.06;
y0 = yo(1);
                y_{inf} = yo(end);
                                       ky = 0.07;
                z_{inf} = zo(end);
z0 = zo(1);
                                       kz = 0.03;
t_ext = 0:1:200;
% Calcular modelos con tiempo extendido
x_{model} = x_{inf} + (x0 - x_{inf}) * exp(-kx * t_ext);
y_{model} = y_{inf} + (y_0 - y_{inf}) * exp(-ky * t_ext);
z \mod el = z \inf + (z0 - z \inf) * \exp(-kz * t ext);
t_{ext} = 0:1:200;
```

### 6.1 Grafica de ajuste a 2t



#### 7. Conclusión

La presente práctica permitió implementar de forma integral los conceptos fundamentales de los gemelos digitales aplicados a un sistema fisiológico con datos experimentales. A través del procesamiento, suavizado y análisis de señales biológicas, fue posible construir un modelo matemático basado en ecuaciones diferenciales que describe la dinámica temporal de tres variables biológicas clave. Mediante técnicas de regresión no lineal, se estimaron los parámetros que mejor ajustan el modelo a los datos observados, validando su comportamiento mediante simulaciones, gráficas comparativas y análisis de estabilidad.

A lo largo de la materia, se fortalecieron habilidades esenciales como el modelado computacional, el análisis dinámico, la identificación de sistemas y la visualización avanzada de datos. Del mismo modo, se comprendió el potencial de los gemelos digitales como herramienta para representar, predecir y controlar sistemas biológicos en tiempo real, sentando las bases para aplicaciones futuras en monitoreo clínico, investigación biomédica y personalización de tratamientos. En conjunto, esta experiencia académica integró teoría, simulación y análisis crítico, fomentando un enfoque interdisciplinario que refleja la esencia de la Ingeniería Biomédica moderna.

### 8. Funciones de Práctica

# 8.1 Grafica de Datos Experimentales (Raw Data)

function plotGraficas(t, x1, y1, z1)

```
% Crear figura
    fig = figure('Position', [100, 100, 800, 600]);
    rd = [0.6350 \ 0.0780 \ 0.1840];
    cy = [0.3010 \ 0.7450 \ 0.9330];
    gr = [0.4660 \ 0.6740 \ 0.1880];
    pr = [0.4940 \ 0.1840 \ 0.5560];
    or = [0.8500 \ 0.3250 \ 0.0980];
   % Subplot 1: x(t)
    subplot(3,1,1)
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, x1, 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', gr)
    xlabel('$t$','Interpreter','latex')
   ylabel('$x(t)$','Interpreter','latex')
    xlim([0 70]); xticks(0:7.5:70)
    ylim([0 70]); yticks(0:15:70)
    xline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   yline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   % Subplot 2: y(t)
    subplot(3,1,2)
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, y1, 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', cy)
    xlabel('$t$','Interpreter','latex')
    ylabel('$y(t)$','Interpreter','latex')
    xlim([0 70]); xticks(0:7.5:70)
   ylim([0 15]); yticks(0:4:15)
   xline(0,'','LineWidth',1,'Color','k')
   yline(0,'','LineWidth',1,'Color','k')
   % Subplot 3: z(t)
    subplot(3,1,3)
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, z1, 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', or)
    xlabel('$t$','Interpreter','latex')
   ylabel('$z(t)$','Interpreter','latex')
    xlim([0 70]); xticks(0:7.5:70)
   ylim([0 120]); yticks(0:40:120)
    xline(0,'','LineWidth',1,'Color','k')
   yline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   % Título general de la figura
    sgtitle('Evolución temporal de las variables biológicas','FontName','Times New
Roman','FontSize',12)
    % Exportar la figura a PDF
    exportgraphics(fig, 'grafica_trayectorias.pdf', 'ContentType', 'vector');
```

#### 8.2 Grafica de Datos Suavizados

```
function plotGraficas1(t, xo, yo, zo)
    % Crear figura
   fig = figure('Position', [100, 100, 800, 600]);
   % Definición de colores
    blu = [0 \ 0.4470 \ 0.7410];
                                  % Azul
    nrj = [0.8500 \ 0.3250 \ 0.0980]; \% Naranja
    amr = [0.9290 \ 0.6940 \ 0.1250]; \% Amarillo
   % Subplot 1: x(t)
    subplot(3,1,1)
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, xo, 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', blu)
    xlabel('$t$','Interpreter','latex')
   ylabel('$x(t)$','Interpreter','latex')
    xlim([0 70]); xticks(0:7.5:70)
   ylim([0 70]); yticks(0:15:70)
   xline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
    yline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   % Subplot 2: y(t)
    subplot(3,1,2)
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, yo, 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', nrj)
    xlabel('$t$','Interpreter','latex')
   ylabel('$y(t)$','Interpreter','latex')
    xlim([0 70]); xticks(0:7.5:70)
   ylim([0 15]); yticks(0:4:15)
    xline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   yline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   % Subplot 3: z(t)
    subplot(3,1,3)
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, zo, 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', amr)
   xlabel('$t$','Interpreter','latex')
    ylabel('$z(t)$','Interpreter','latex')
    xlim([0 70]); xticks(0:7.5:70)
   ylim([0 120]); yticks(0:40:120)
    xline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   yline(0,'--','LineWidth',1,'Color','k')
   % Título general
```

```
sgtitle('Datos experimentales de las variables biológicas','FontName','Times
New Roman','FontSize',12)

% Exportar a PDF
  exportgraphics(fig, 'grafica_datos_experimentales.pdf', 'ContentType',
'vector');
end
```

#### 8.3 Regresión No Lineal

```
function plotModel1(t, x, y, z)
    % Crear figura y configurar dimensiones
    fig = figure('Color','w');
    set(fig, 'Units', 'Centimeters', 'Position',[2, 2, 20, 12]);
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman');
    fontsize(12, 'points');
   % Colores
    blu = [0 \ 0.4470 \ 0.7410];
   mor = [0.4940 0.1840 0.5560]; % Morado
    naj = [0.8500 0.3250 0.0980]; % Naranja
   % Subplot 1: x(t)
    subplot(3,1,1)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, x(:,1), 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', blu)
    plot(t, x(:,2), '-', 'LineWidth',1.5, 'Color', mor)
    xlabel('$t$ $[days]$', 'Interpreter','latex')
    ylabel('$x(t)$ $[cells]$', 'Interpreter','latex')
    L = legend('$x_o(t)$', '$x_a(t)$');
    set(L, 'Interpreter', 'latex', 'FontSize', 12, 'Location', 'EastOutside',
'Box','on')
   title(L, 'Data')
    xlim([min(t) max(t)])
   ylim([0 100])
   % Subplot 2: y(t)
    subplot(3,1,2)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, y(:,1), 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', blu)
    plot(t, y(:,2), '-', 'LineWidth',1, 'Color', mor)
    xlabel('$t$ $[days]$', 'Interpreter','latex')
    ylabel('$y(t)$ $[cells]$', 'Interpreter','latex')
    L = legend('$y_o(t)$', '$y_a(t)$');
    set(L, 'Interpreter', 'latex', 'FontSize', 12, 'Location', 'EastOutside',
'Box', 'on')
   title(L, 'Data')
    xlim([min(t) max(t)])
   ylim([0 30])
```

```
% Subplot 3: z(t)
    subplot(3,1,3)
    hold on; box on; grid off;
    plot(t, z(:,1), 'x', 'MarkerSize',5, 'LineWidth',1.5, 'Color', blu)
   plot(t, z(:,2), '-', 'LineWidth',1, 'Color', naj)
    xlabel('$t$ $[days]$', 'Interpreter','latex')
   ylabel('$z(t)$ $[cells]$', 'Interpreter','latex')
    L = legend('$z_o(t)$', '$z_a(t)$');
    set(L, 'Interpreter', 'latex', 'FontSize', 12, 'Location', 'EastOutside',
'Box', 'on')
   title(L, 'Data')
   xlim([min(t) max(t)])
   ylim([0 100])
   % Título general
    sgtitle('Modelo ajustado vs datos experimentales', 'FontName', 'Times New
Roman', 'FontSize',14)
   % Exportar a PDF
    exportgraphics(fig, 'modelo_vs_ajuste.pdf', 'ContentType', 'vector');
end
```

#### 8.4 Ajuste del Modelo Matemático (Fitting\_model)

```
function [mdl, xa, ya, za] = Model1(to, xo, yo, zo, P0)
   % Valores iniciales
   x0 = xo(1); y0 = yo(1); z0 = zo(1);
   % Expande el vector tiempo para las 3 variables
   to = [to; to; to];
   % Observaciones reales concatenadas: x, y, z
   fo = [xo; yo; zo];
   % Modelo anidado para el ajuste
    function fi = model(p, t)
        dt = 1E-3;
       t = reshape(t, [], 3); % Redimensiona por seguridad
       t = t(:, 1);
                               % Solo usa la primera columna (tiempo original)
       time = (0:dt:max(t))'; % vector de tiempo para integración
       n = round(max(t)/dt);
       % Inicialización
       x = zeros(n+1, 1); x(1) = x0;
       y = zeros(n+1, 1); y(1) = y0;
       z = zeros(n+1, 1); z(1) = z0;
       % Simulación (Heun)
        for i = 1:n
```

```
[fx, fy, fz] = f(x(i), y(i), z(i), p);
        xn = x(i) + fx*dt;
        yn = y(i) + fy*dt;
        zn = z(i) + fz*dt;
        [fxn, fyn, fzn] = f(xn, yn, zn, p);
        x(i+1) = x(i) + (fx + fxn)*dt/2;
        y(i+1) = y(i) + (fy + fyn)*dt/2;
        z(i+1) = z(i) + (fz + fzn)*dt/2;
    end
    % Interpolación para los puntos de medición
    xi = zeros(length(t), 1);
    yi = zeros(length(t), 1);
    zi = zeros(length(t), 1);
    for j = 1:length(t)
        [\sim, idx] = min(abs(time - t(j)));
        xi(j) = x(idx);
        yi(j) = y(idx);
        zi(j) = z(idx);
    end
    fi = [xi; yi; zi]; % Concatenar en columna
end
% Ecuaciones diferenciales
function [dx, dy, dz] = f(x, y, z, p)
    dx = p(1) * x * z + p(2) * x;
    dy = p(3) * y^2 - p(4) * y;
    dz = p(5) * z - p(6) * x * z;
end
% Ajuste de regresión no lineal
mdl = fitnlm(to, fo, @model, P0);
% Resultados ajustados
fa = mdl.Fitted;
fn = reshape(fa, [], 3);
xa = fn(:, 1); ya = fn(:, 2); za = fn(:, 3);
% Reporte de coeficientes
Estimate = table2array(mdl.Coefficients(:, 1));
SE = table2array(mdl.Coefficients(:, 2));
pvalue = table2array(mdl.Coefficients(:, 4));
alpha = 0.05;
CI950G = coefCI(mdl, alpha);
CI95 = abs(CI950G);
dof = mdl.DFE;
tval = tinv(1 - alpha/2, dof);
```

#### 8.5 Graficas a Escala 2t

```
function graficarAjuste2t(t_ext, t, xo, yo, zo, x_model, y_model, z_model)
    % Colores
    blu = [0 \ 0.4470 \ 0.7410];
    amr = [0.9290 \ 0.6940 \ 0.1250];
    nrj = [0.8500 \ 0.3250 \ 0.0980];
   % Crear figura
   fig = figure('Color','w', 'Units','centimeters', 'Position',[2,2,20,12]);
   % Subplot 1: x(t)
    subplot(3,1,1)
    plot(t_ext, x_model, '-', 'Color', blu, 'LineWidth', 1.5)
    hold on
    scatter(t, xo, 50, 'x', 'MarkerEdgeColor', blu, 'LineWidth', 1.5)
   ylabel('$x(t)$', 'Interpreter', 'latex')
    legend('$x_{a}$','$x_{o}$', 'Interpreter', 'latex', 'Location', 'best')
    xlim([0 80])
   ylim([0 70])
   yticks(0:35:70)
    grid on
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
   % Subplot 2: y(t)
    subplot(3,1,2)
    plot(t_ext, y_model, '-', 'Color', amr, 'LineWidth', 1.5)
    hold on
    scatter(t, yo, 50, 'x', 'MarkerEdgeColor', amr, 'LineWidth', 1.5)
    ylabel('$y(t)$', 'Interpreter', 'latex')
    legend('$y_{a}$','$y_{o}$', 'Interpreter', 'latex', 'Location', 'best')
    xlim([0 80])
   ylim([0 20])
   yticks(0:5:20)
```

```
grid on
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
    % Subplot 3: z(t)
    subplot(3,1,3)
    plot(t_ext, z_model, '-', 'Color', nrj, 'LineWidth', 1.5)
    scatter(t, zo, 50, 'x', 'MarkerEdgeColor', nrj, 'LineWidth', 1.5)
    ylabel('$z(t)$', 'Interpreter', 'latex')
    xlabel('$t$ $[días]$', 'Interpreter', 'latex')
    legend('$z_{a}$','$z_{o}$', 'Interpreter', 'latex', 'Location', 'best')
    xlim([0 80])
    ylim([0 120])
    yticks(0:40:120)
    grid on
    set(gca, 'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 10)
   % Título general
    sgtitle('Ajuste exponencial tipo 2t a los datos suavizados', ...
            'FontName', 'Times New Roman', 'FontSize', 12, 'FontWeight', 'bold')
   % Exportar la figura a PDF
    exportgraphics(fig, 'ajuste_exponencial_2t.pdf', 'ContentType', 'vector');
end
```

#### Referencias

- [1] Paul. A. Valle, Syllabus de Biomatemáticas para la asignatura de Gemelos Digitales, Tecnológico Nacional de México/IT Tijuana, Tijuana, B.C., México, 2025. Permalink: https://www.dropbox.com/s/6yf9afxzih9y458/Biomatematicas.pdf
- [2] Dominik Wordaz & Natalia L. Komarova, Dynamics of Cancer: Mathematical Foundations of Oncology, University of California, Irvine, USA, 2014.
- [3] Robert A. Gatenby & Thomas L. Vincent, "Application of quantitative models from population biology and evolutionary game theory to tumor therapeutic strategies," Molecular Cancer Therapeutics, vol. 2, no. 9, pp. 919–927, Jun 2003.