

José David Pereiro

Código:201327302

Simulaciones para tarea #3 Matlab, biología sintética. Expresión de genes para una célula, 1000 células, 10000 células y retroalimentación negativa.

La expresión se realizó para tasas bajas.

Códigos realizados en MATLAB.

4ª).

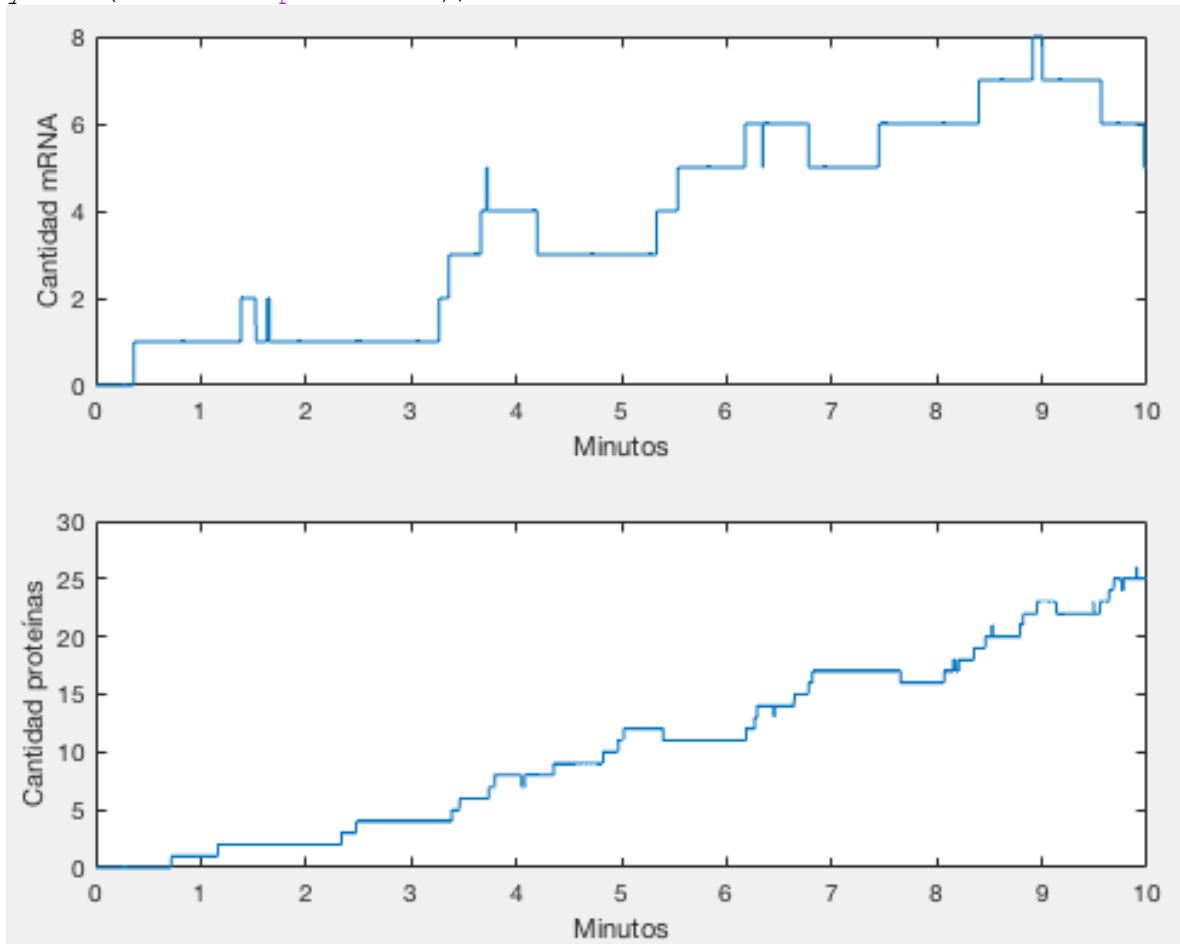
Simulación para una célula. Método primitivo.

```
close all
clear all
clc
t_inicio = tic;
kr = 1 ;
gr = 0.2;
kp = 0.8;
gp = 0.01;
dt = 1/1000;
t_maximo = 10 ;
t = 0:dt:t_maximo;
r = zeros(length(t),1);
p = zeros(length(t),1);
cantidad = length(t) - 1;
for i = 1:cantidad
    r1_t = r(i);
    p1_t = p(i);
    a = kr * dt;
    b = gr * r1_t * dt;
    c = kp * r1_t * dt;
    d = gp * p1_t * dt;
    suceso = rand;
    if suceso <= a
        r(i+1) = r1_t + 1;
    else
        suceso2 = rand;
        if suceso2 <= b
            r(i+1) = r1_t - 1;
        else
            r(i+1) = r1_t;
        end
    end
    suceso3 = rand;
    if suceso3 <= c
        p(i+1) = p1_t + 1;
    else
        suceso4 = rand;
        if suceso4 <= d
            p(i+1) = p1_t - 1;
        else
            p(i+1) = p1_t;
        end
    end
end
end
subplot(2,1,1)
plot(t, r)
xlabel('Minutos');
```

```

ylabel('Cantidad mRNA');
subplot(2,1,2)
plot(t, p)
xlabel('Minutos');
ylabel('Cantidad proteínas');

```



4b)

```

1000 células
close all
clear all
clc
t_inicio = tic;
c = 1000;
dt = 1/1000;
t_maximo = 1/5;
t = 0:dt:t_maximo;
cantidad = length(t) - 1;
r_poblacional = zeros(c, length(t));
p_poblacional = zeros(c, length(t));
for j = 1:c
    r = zeros(length(t),1);
    p = zeros(length(t),1);
    kr = 1 ;
    gr = 0.2;
    kp = 0.8;
    gp = 0.01;

```

```

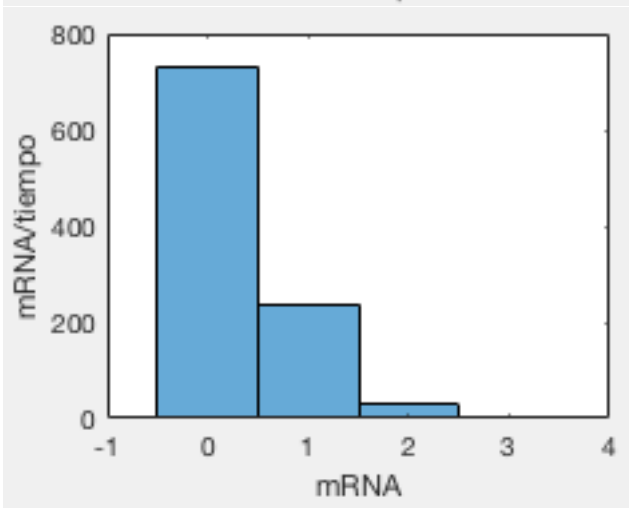
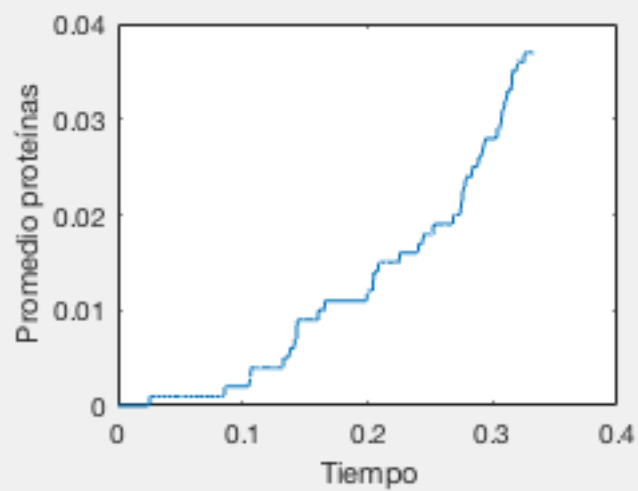
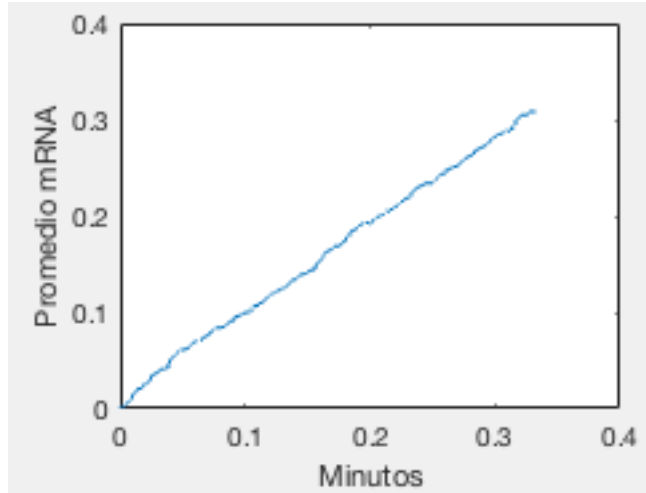
for i = 1:cantidad
    r1_t = r(i);
    p1_t = p(i);
    a = kr * dt;
    b = gr * r1_t * dt;
    c = kp * r1_t * dt;
    d = gp * p1_t * dt;
    suceso = rand;
    if suceso <= a
        r(i+1) = r1_t + 1;
    else
        suceso2 = rand;
        if suceso2 <= b
            r(i+1) = r1_t - 1;
        else
            r(i+1) = r1_t;
        end
    end
    suceso3 = rand;
    if suceso3 <= c
        p(i+1) = p1_t + 1;
    else
        suceso4 = rand;
        if suceso4 <= d
            p(i+1) = p1_t - 1;
        else
            p(i+1) = p1_t;
        end
    end
end

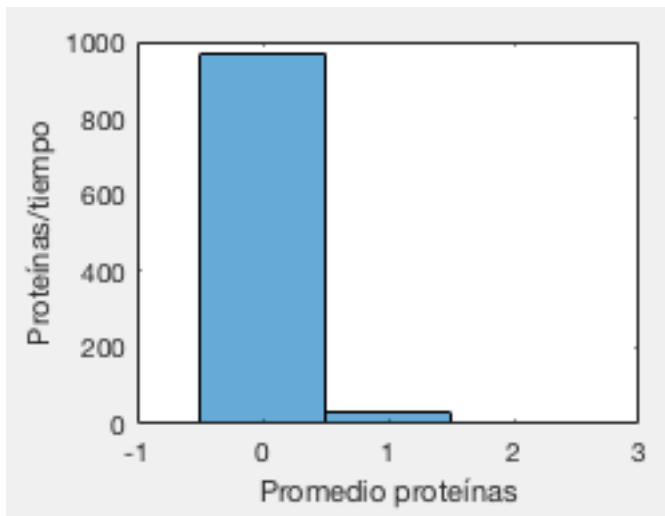
r_poblacional(j,:) = r;
p_poblacional(j,:) = p;
end

promedio_r = mean(r_poblacional);
promedio_p = mean(p_poblacional);
desviacionestandar_r = std(r_poblacional);
desviacionestadar_p = std(p_poblacional);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r;
ruido_p = desviacionestadar_p/promedio_p;
longitud_r = r_poblacional(:,length(r_poblacional(1,:)));
longitud_p = p_poblacional(:,length(p_poblacional(1,:)));
subplot(2,2,1)
plot(t, promedio_r)
xlabel('Minutos');
ylabel('Promedio mRNA');
subplot(2,2,2)
histogram(longitud_r)
xlabel('mRNA');
ylabel('mRNA/tiempo');
subplot(2,2,3)
plot(t, promedio_p)
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio proteínas');
subplot(2,2,4)
histogram(longitud_p)
xlabel('Promedio proteínas');

```

```
ylabel('Proteínas/tiempo');  
RUIDO EN MRNA: 2.269  
RUIDO EN PROTEÍNAS: 2-0578  
PROMEDIO EN MRNA: 0.002  
PROMEDIO EN PROTEÍNAS: 0,005
```





4c)

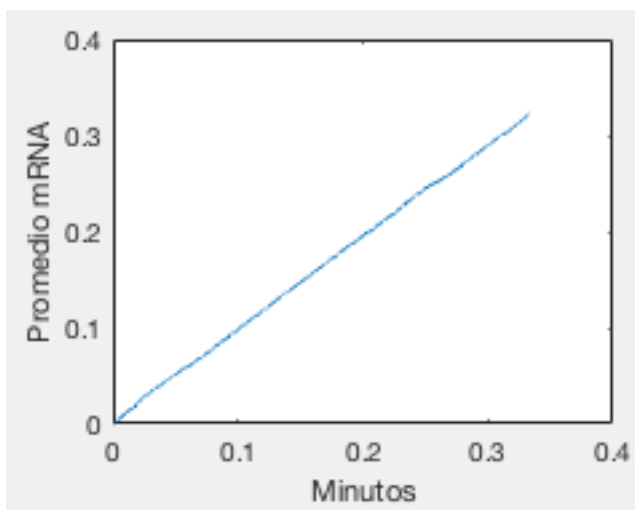
10000 células

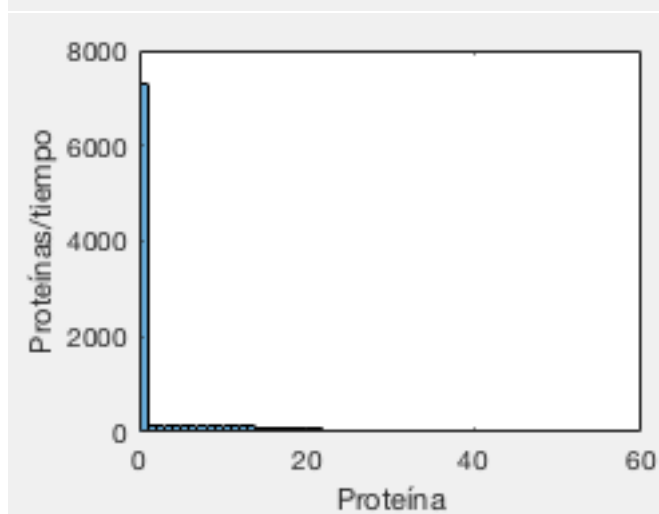
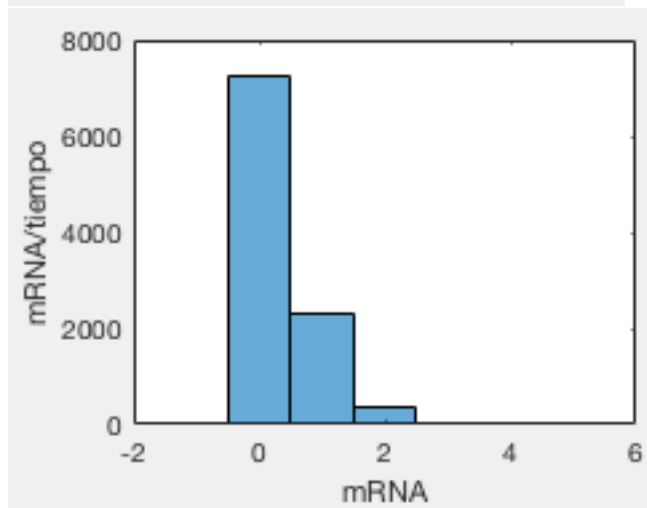
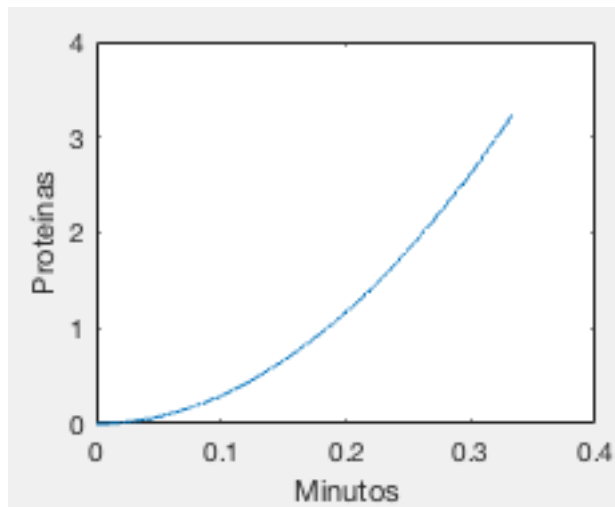
```
close all
clear all
clc
t_inicio = tic;
c = 10000;
dt = 1/1000;
t_maximo = 1/5;
t=0:dt:t_maximo;
cantidad = length(t) - 1;
r_poblacional = zeros(c, length(t));
p_poblacional = zeros(c, length(t));
for j = 1:c
    r = zeros(length(t),1);
    p = zeros(length(t),1);
    kr = 1 ;
    gr = 0.2;
    kp = 0.8;
    gp = 0.01;
    for i = 1:cantidad
        r1_t = r(i);
        p1_t = p(i);
        a = kr * dt;
        b = gr * r1_t * dt;
        c = kp * r1_t * dt;
        d = gp * p1_t * dt;
        suceso = rand;
        if suceso <= a
            r(i+1) = r1_t + 1;
        else
            suceso2 = rand;
            if suceso2 <= b
                r(i+1) = r1_t - 1;
            else
                r(i+1) = r1_t;
            end
        end
    end
end
```

```

    suceso3 = rand;
    if suceso3 <= c
        p(i+1) = p1_t + 1;
    else
        suceso4 = rand;
        if suceso4 <= d
            p(i+1) = p1_t - 1;
        else
            p(i+1) = p1_t;
        end
    end
end
end
r_poblacional(j,:) = r;
p_poblacional(j,:) = p;
end
promedio_r = mean(r_poblacional);
promedio_p = mean(p_poblacional);
desviacionestandar_r = std(r_poblacional);
desviacionestadar_p = std(p_poblacional);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r;
ruido_p = desviacionestadar_p/promedio_p;
longitud_r = r_poblacional(:,length(r_poblacional(1,:)));
longitud_p = p_poblacional(:,length(p_poblacional(1,:)));
subplot(2,2,1)
plot(t, promedio_r)
xlabel('Minutos');
ylabel('Promedio mRNA');
subplot(2,2,2)
histogram(longitud_r)
xlabel('mRNA');
ylabel('mRNA/tiempo');
subplot(2,2,3)
plot(t, promedio_p)
xlabel('Minutos');
ylabel('Proteínas');
subplot(2,2,4)
histogram(longitud_p)
xlabel('Proteína');
ylabel('Proteínas/tiempo');

```





4d). Retroalimentación negativa

```
close all
clear all
clc
t_inicio = tic;
c = 1000;
```

```

dt = 1/1000;
t_maximo = 1/5;
t = 0:dt:t_maximo;
cantidad = length(t) - 1;
r_poblacional = zeros(c, length(t));
p_poblacional = zeros(c, length(t));
for j = 1:c
    r = zeros(length(t),1);
    p = zeros(length(t),1);
    kr = 1 ;
    gr = 0.2;
    kp = 0.8;
    gp = 0.01;
    kh = 0.5;
    for i = 1:cantidad
        r1_t = r(i);
        p1_t = p(i);
        a = kr/(1+(p1_t/kh)^2) * dt;
        b = gr * r1_t * dt;
        c = kp * r1_t * dt;
        d = gp * p1_t * dt;
        suceso = rand;
        if suceso <= a
            r(i+1) = r1_t + 1;
        else
            suceso2 = rand;
            if suceso2 <= b
                r(i+1) = r1_t - 1;
            else
                r(i+1) = r1_t;
            end
        end
        suceso3 = rand;
        if suceso3 <= c
            p(i+1) = p1_t + 1;
        else
            suceso4 = rand;
            if suceso4 <= d
                p(i+1) = p1_t - 1;
            else
                p(i+1) = p1_t;
            end
        end
    end
    r_poblacional(j,:) = r;
    p_poblacional(j,:) = p;
end
promedio_r = mean(r_poblacional);
promedio_p = mean(p_poblacional);
desviacionestandar_r = std(r_poblacional);
desviacionestadar_p = std(p_poblacional);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r;
ruido_p = desviacionestadar_p/promedio_p;
longitud_r = r_poblacional(:,length(r_poblacional(1,:)));
longitud_p = p_poblacional(:,length(p_poblacional(1,:)));
subplot(2,2,1)

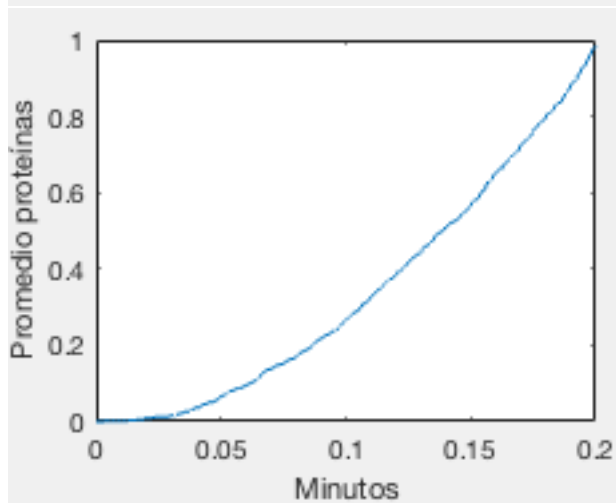
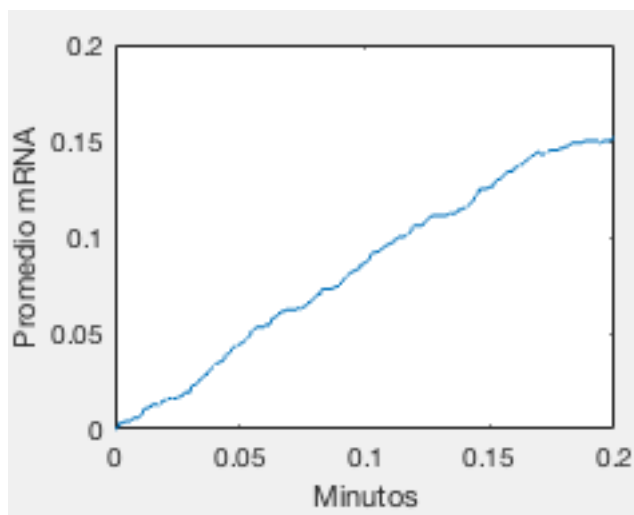
```

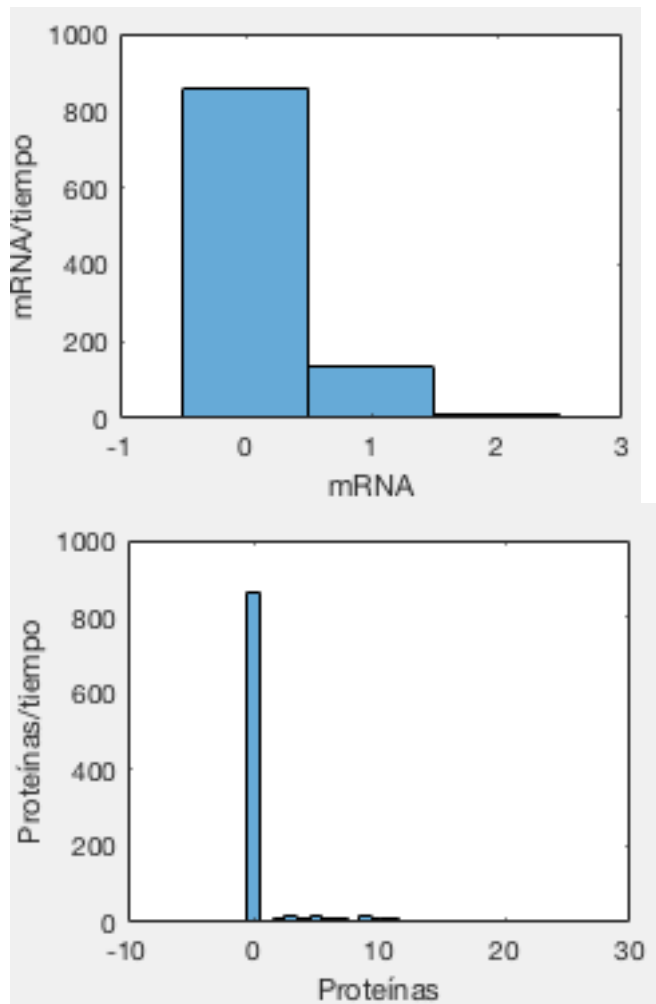


```

plot(t, promedio_r)
xlabel('Minutos');
ylabel('Promedio mRNA');
subplot(2,2,2)
histogram(longitud_r)
xlabel('mRNA');
ylabel('mRNA/tiempo');
subplot(2,2,3)
plot(t, promedio_p)
xlabel('Minutos');
ylabel('Promedio proteínas');
subplot(2,2,4)
histogram(longitud_p)
xlabel('Proteínas');
ylabel('Proteínas/tiempo');

```





RUIDO EN MRNA: 3.1998

RUIDO EN PROTEÍNAS: 2.7792

PROMEDIO EN MRNA: 0.0020

PROMEDIO EN PROTEÍNAS: 0,0110

GILLESPIE

5^a)

```

clc;
clear all
close all
t_muestra=0.1;
constante=100;
t_fin=500;
t=0;
l=1;
a = 1;
b = 2;
c = 80;
kr =1;
kp = 0.2;
gr = 0.8;
gp = 0.01;

```

```

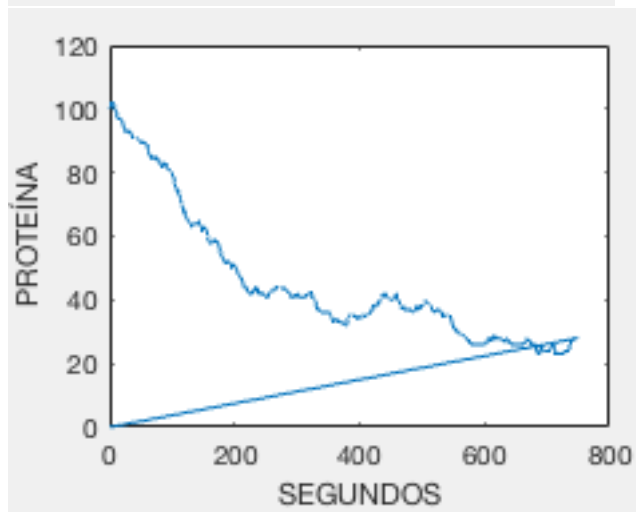
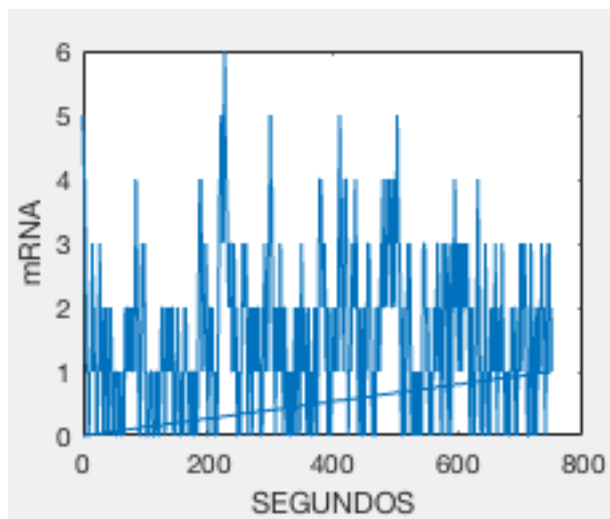
j=1;
t_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
t_array(1,j)=t;
a_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
a_array(1,j)=a;
b_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
b_array(1,j)=b;
c_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
c_array(1,j)=c;
while t < t_fin,
    f = [kr*a kp*b gr*b gp*c];
    f0 = sum(f);
    suceso=rand;
    while suceso == 0,
        suceso=rand;
    end
    t_funcion = log(1/suceso)*(1/f0);
    t = t_funcion+t;
    suceso2=rand;
    a1=1;
    a2=0;
    a3=0;
    while a3 < suceso2*f0,
        a3 = a3 + f(i);
        a2 = a2 + 1;
        a1=a1+1
    end
    if a2= 1
        b=b+1;
    elseif a2= 2
        c=c+1;
    elseif a2=1
        b=b-1;
    elseif a2 == 4
        c=c-1;
    end
    if t >= j*t_muestra
        j=j+1;
        t_array(1,j)=j;
        a_array(1,j)=a;
        b_array(1,j)=b;
        c_array(1,j)=c;
    end
    if t>=constante*t_muestra
        l=l+1;
    end
end
promedio_r = mean(b_array)
promedio_p = mean(c_array)
desviacionestandar_r = std(b_array);
desviacionestandar_p = std(c_array);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r
ruido_p = desviacionestandar_r/promedio_r
subplot(2,2,1);
plot(t_array,b_array);
xlabel('SEGUNDOS');
ylabel('mRNA');

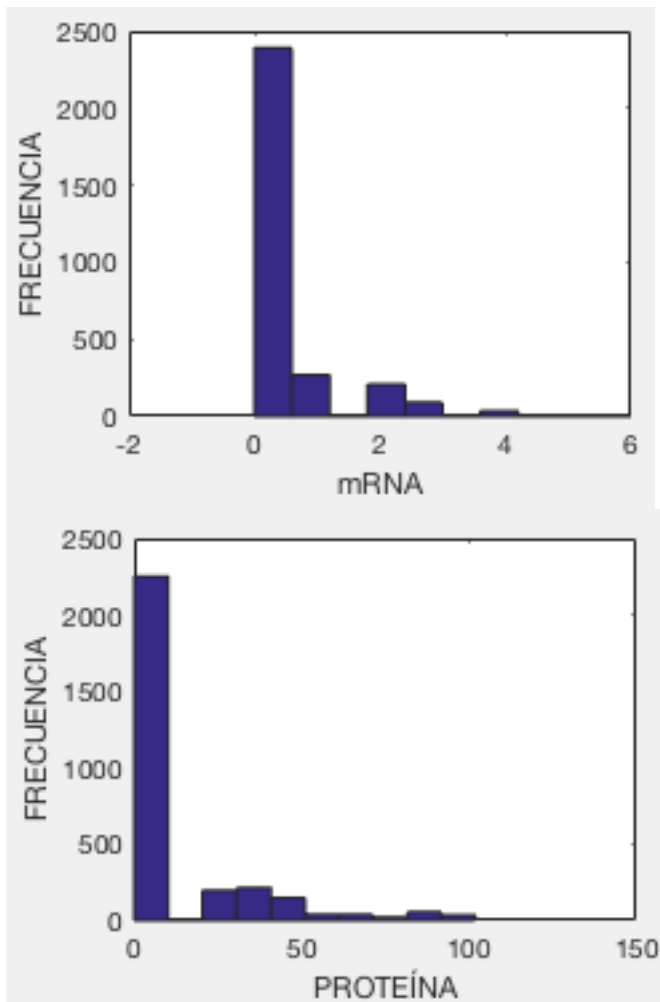
```

```

subplot(2,2,2);
hist(b_array);
xlabel('mRNA');
ylabel('CONTEO');
subplot(2,2,3);
plot(t_array,c_array);
xlabel('SEGUNDOS');
ylabel('PROTEÍNA');
subplot(2,2,4);
hist(c_array);
xlabel('PROTEÍNA');
ylabel('CONTEO');

```





5b)

1000 células

```
close all
clear all
clc
t_muestra=0.1;
constante=100;
t_fin=500;
t=0;
l=1;
c = 1000;
for cantidad=1:c
    a = 1;
    b = 2;
    c = 80;
    kr =1;
    kp = 0.2;
    gr = 0.8;
    gp = 0.01;
    j=1;
    t_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
    t_array(1,j)=t;
    a_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
```

```

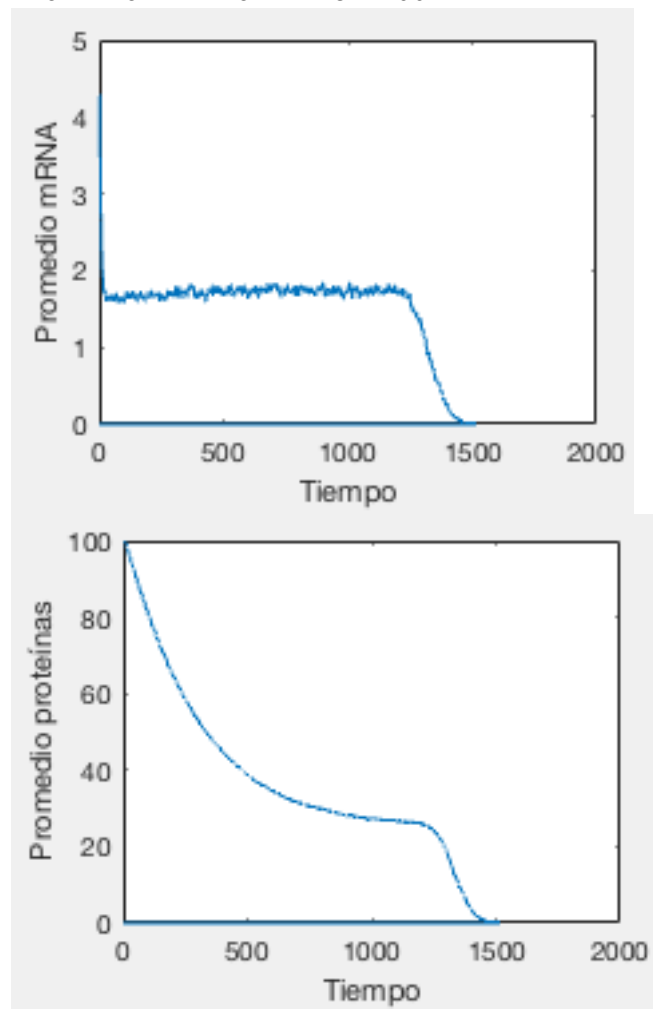
a_array(1,j)=a;
b_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
b_array(1,j)=b;
c_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
c_array(1,j)=c;
while t < t_fin,
f = [kr*a kp*b gr*b gp*c];
    f0 = sum(f);
suceso=rand;
while suceso == 0,
suceso=rand;
end
t_funcion = log(1/suceso)*(1/f0);
t = t_funcion+t;
suceso2=rand;
a1=1;
a2=0;
a3=0;
    while a3 < suceso2*f0,
        a3 = a3 + f(i);
        a2 = a2 + 1;
        a1=a1+1
    end
    if a2= 1
        b=b+1;
    elseif a2= 2
        c=c+1;
    elseif a2=1
        b=b-1;
    elseif a2 == 4
        c = c - 1;
    end
if t >= j*t_muestra
    j=j+1;
    t_array(1,j)=j;
    a_array(1,j)=a;
    b_array(1,j)=b;
    c_array(1,j)=c;
end
end
if t >= constante*t_muestra
l=l+1;
end
end
end
promedio_r = mean(b_array)
promedio_p = mean(c_array)
desviacionestandar_r = std(b_array);
desviacionestandar_p = std(c_array);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r
ruido_p = desviacionestandar_r/promedio_r
longitud_r = b_array(:);
longitud_p = c_array(:);
l=length(t_array);
subplot(2,2,1);
plot(t_array(2:l),promedio_r(2:l));
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio mRNA');

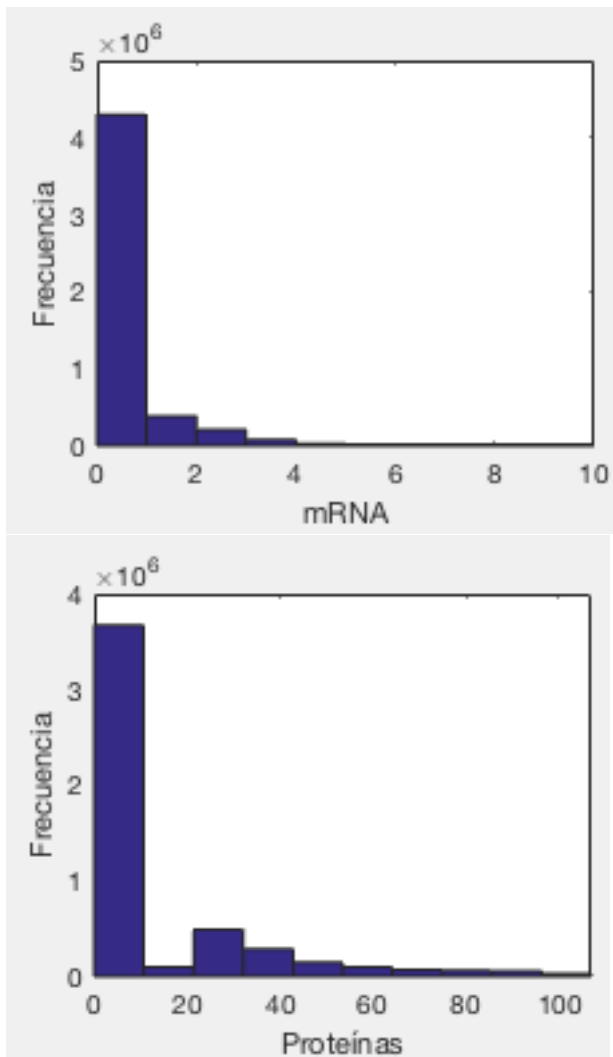
```

```

subplot(2,2,2);
hist(longitud_r);
xlabel('mRNA');
ylabel('Frecuencia');
subplot(2,2,3);
plot(t_array(2:1),promedio_p(2:1));
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio proteínas');
subplot(2,2,4);
hist(longitud_p);
xlabel('Proteínas');
ylabel('Frecuencia');
RUIDO EN MRNA: 0.7169
RUIDO EN PROTEÍNAS: 0.1300
PROMEDIO EN MRNA: 3.8450
PROMEDIO EN PROTEÍNAS: 100

```





5c)

10000 células

```
close all
clear all
clc
t_muestra=0.1;
constante=100;
t_fin=500;
t=0;
c = 1000;
l=1;
t_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
t_array(1,j)=t;
a_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
a_array(1,j)=a;
b_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
b_array(1,j)=b;
c_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
c_array(1,j)=c;
for n=1:c
a = 1;
```



```

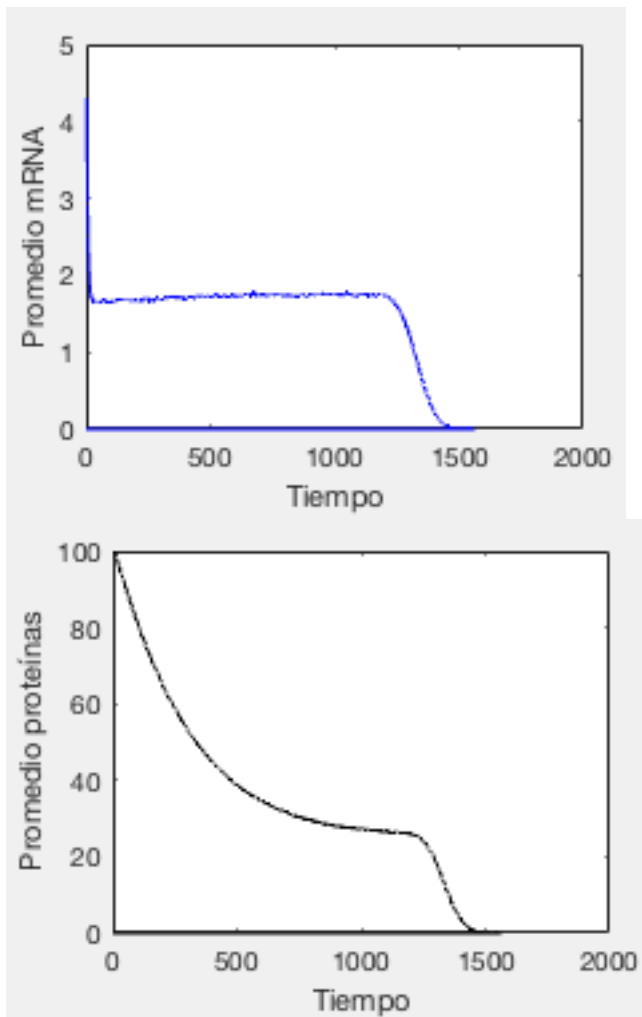
b = 5;
c = 100;
kr =1;
kp = 0.2;
gr = 0.8;
gp = 0.01;
t=0;
j=1;
t_array(1,j)=0;
a_array(n,j)=a;
b_array(n,j)=b;
c_array(n,j)=c;
while t < t_fin,
f = [kr*a kp*b gr*b gp*c];
    f0 = sum(f);
suceso=rand;
while suceso == 0,
suceso=rand;
end
t_funcion = log(1/suceso)*(1/f0);
t = t_funcion+t;
suceso2=rand;
a1=1;
a2=0;
a3=0;
    while a3 < suceso2*f0,
        a3 = a3 + f(i);
        a2 = a2 + 1;
        a1=a1+1
    end
    if a2= 1
        b+=1;
    elseif a2= 2
        c+=1;
    elseif a2=1
        b=b-1;
    elseif a2 == 4
        c = c - 1;
    end
if t >= j*t_muestra
    j=j+1;
    t_array(1,j)=j;
    a_array(1,j)=a;
    b_array(1,j)=b;
    c_array(1,j)=c;
end
end
end
promedio_r = mean(b_array)
promedio_p = mean(c_array)
desviacionestandar_r = std(b_array);
desviacionestandar_p = std(c_array);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r
ruido_p = desviacionestandar_r/promedio_r

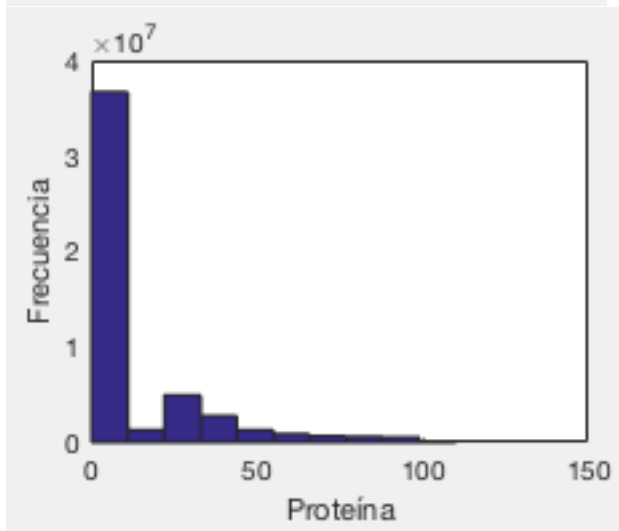
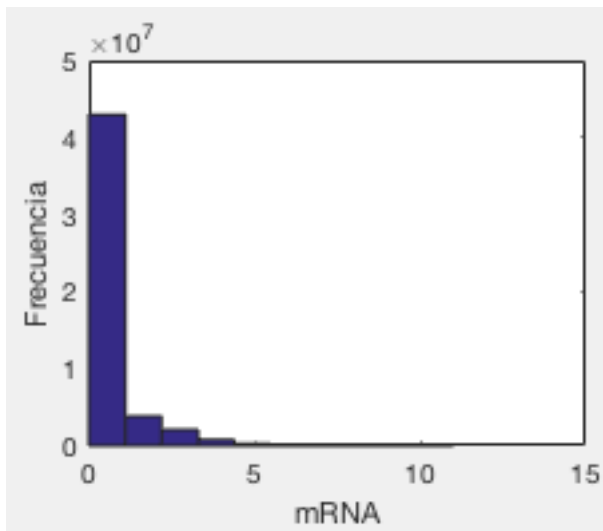
```

```

longitud_r = b_array(:);
longitud_p = c_array(:);
l=length(t_array);
subplot(2,2,1);
plot(t_array(2:l),promedio_r(2:l));
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio mRNA');
subplot(2,2,2);
hist(longitud_r);
xlabel('mRNA');
ylabel('Frecuencia');
subplot(2,2,3);
plot(t_array(2:l),promedio_p(2:l));
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio proteínas');
subplot(2,2,4);
hist(longitud_p);
xlabel('Proteínas');
ylabel('Frecuencia');

```





5d)

```
close all
clear all
clc
t_muestra=0.1;
constante=100;
t_fin=500;
t=0;
l=1;
c = 1000;
for cantidad=1:c
    a = 1;
    b = 2;
    c = 80;
    kr =1;
    kp = 0.2;
    gr = 0.8;
    gp = 0.01;
    j=1;
    t_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
    t_array(1,j)=t;
    a_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
```

```

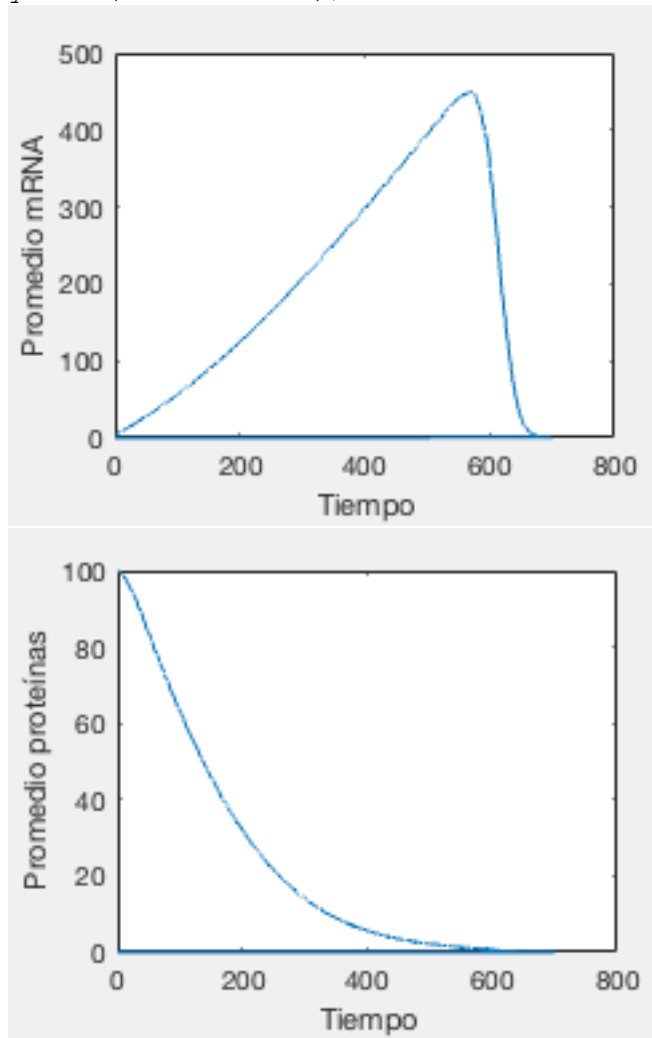
a_array(1,j)=a;
b_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
b_array(1,j)=b;
c_array(1,t_fin/t_muestra+1)=0;
c_array(1,j)=c;
while t < t_fin,
f = [kr/1+(c/l)^2 kp*b gr*b gp*c];
f0 = sum(f);
suceso=rand;
while suceso == 0,
suceso=rand;
end
t_funcion = log(1/suceso)*(1/f0);
t = t_funcion+t;
suceso2=rand;
a1=1;
a2=0;
a3=0;
    while a3 < suceso2*f0,
        a3 = a3 + f(i);
        a2 = a2 + 1;
        a1=a1+1
    end
    if a2= 1
        b+=1;
    elseif a2= 2
        c+=1;
    elseif a2=1
        b=b-1;
    elseif a2 == 4
        c = c - 1;
    end
if t >= j*t_muestra
    j=j+1;
    t_array(1,j)=j;
    a_array(1,j)=a;
    b_array(1,j)=b;
    c_array(1,j)=c;
end
end
if t >= constante*t_muestra
l=l+1;
end
end
end
promedio_r = mean(b_array)
promedio_p = mean(c_array)
desviacionestandar_r = std(b_array);
desviacionestandar_p = std(c_array);
ruido_r = desviacionestandar_r/promedio_r
ruido_p = desviacionestandar_r/promedio_r
longitud_r = b_array(:);
longitud_p = c_array(:);
l=length(t_array);
subplot(2,2,1);
plot(t_array(2:l),promedio_r(2:l));
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio mRNA');

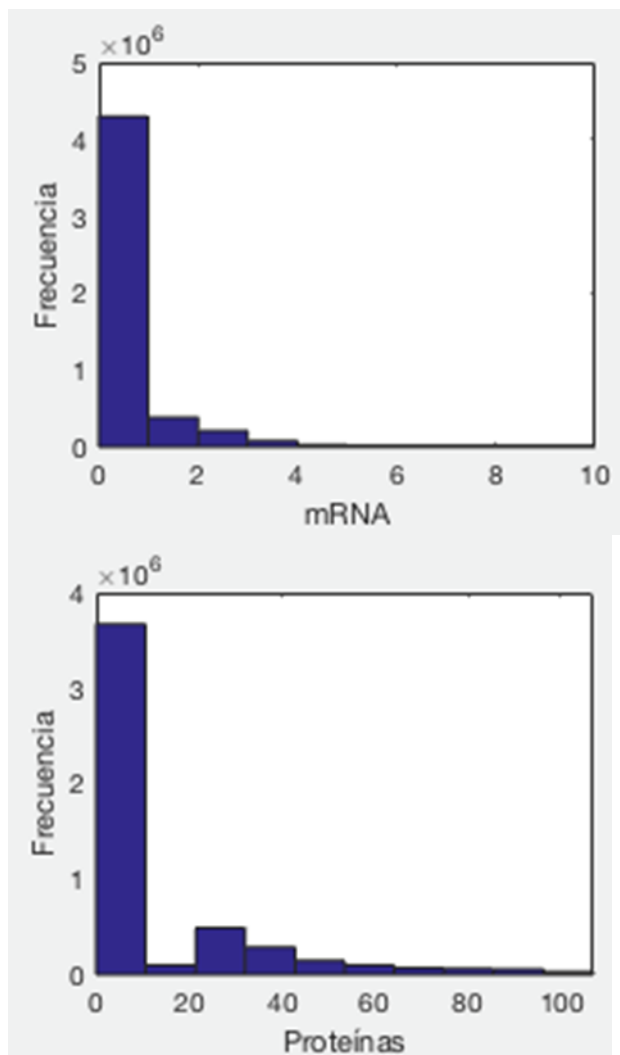
```

```

subplot(2,2,2);
hist(longitud_r);
xlabel('mRNA');
ylabel('Frecuencia');
subplot(2,2,3);
plot(t_array(2:1),promedio_p(2:1));
xlabel('Tiempo');
ylabel('Promedio proteínas');
subplot(2,2,4);
hist(longitud_p);
xlabel('Proteínas');
ylabel('Frecuencia');

```





RUIDO EN MRNA: 0.15
RUIDO EN PROTEÍNAS: 0.00200
PROMEDIO EN MRNA: 3.454
PROMEDIO EN PROTEÍNAS: 100