Códigos realizados en MATLAB.

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 = 5 ;

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

subplot(2,1,1)

plot(t, r)

xlabel('Minutos');

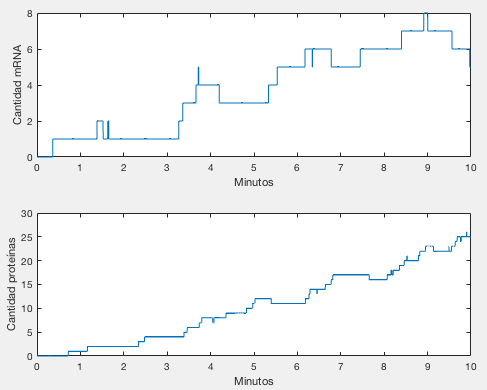
ylabel('Cantidad mRNA');

subplot(2,1,2)

plot(t, p)

xlabel('Minutos');

ylabel('Cantidad proteínas');



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 \* r\_t \* dt;

c = kp \* r\_t \* dt;

d = gp \* p\_t \* dt;

suceso = rand;

if suceso <= a

r(i+1) = r1\_t + 1;

else

suceso2 = rand;

if event2 <= 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);

desviacionestandar\_r = std(r\_poblacional);

ruido\_r = desviacionestandar\_r/promedio\_r;

longitud\_r = r\_poblacional(:,length(r\_poblacional(1,:)));

promedio\_p = mean(p\_poblacional);

desviacionestadar\_p = std(p\_poblacional);

ruido\_p = desviacionestadar\_p/promedio\_p;

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');

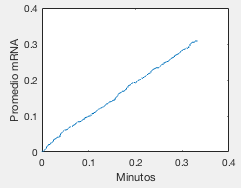
ylabel('Promedio proteínas');

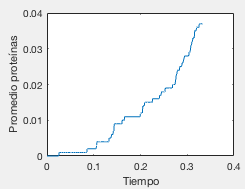
subplot(2,2,4)

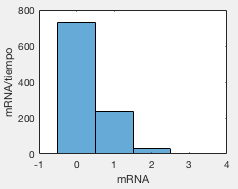
histogram(longitud\_p)

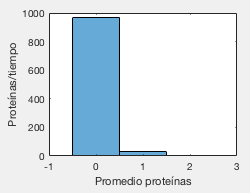
xlabel('Promedio proteínas');

ylabel('Proteínas/tiempo');









10000 células

close all

clear all

clc

t\_inicio = tinicio;

c = 10000;

dt = 1/1000;

t\_maximo = 1/3;

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 = 1/5;

kp = 60;

gp = 1/30;

for i = 1:n

r1\_t = r(i);

p1\_t = p(i);

a = kr \* dt;

b = gr \* r\_t \* dt;

c = kp \* r\_t \* dt;

d = gp \* p\_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);

desviacionestandar\_r = std(r\_poblacional);

ruido\_r = desviacionestandar\_r/promedio\_r;

longitud\_r = r\_poblacional(:,length(r\_poblacional(1,:)));

promedio\_p = mean(p\_poblacional);

desviacionestandar\_p = std(p\_poblacional);

ruido\_p = desviacionestandar\_p/promedio\_p;

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');

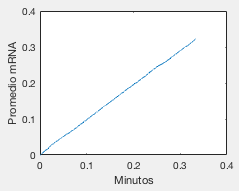
ylabel('Proteínas');

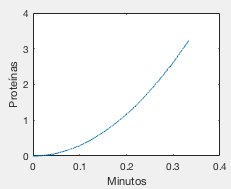
subplot(2,2,4)

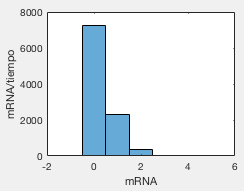
histogram(longitud\_p)

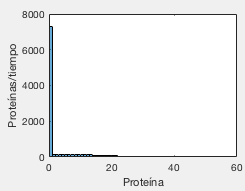
xlabel('Proteína');

ylabel('Proteínas/tiempo');









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 = 1/5;

kp = 60;

gp = 1/30;

kh = 120;

for i = 1:cantidad

r1\_t = r(i);

p1\_t = p(i);

k1 = kr/(1+(p1\_t/kh)^2) \* dt;

k2 = gr \* r1\_t \* dt;

k3 = kp \* r1\_t \* dt;

k4 = gp \* p1\_t \* dt;

suceso = rand;

if suceso <= k1

r(i+1) = r1\_t + 1;

else

suceso2 = rand;

if suceso2 <= k2

r(i+1) = r1\_t - 1;

else

r(i+1) = r1\_t;

end

end

suceso3 = rand;

if suceso3 <= k3

p(i+1) = p1\_t + 1;

else

suceso4 = rand;

if suceso4 <= k4

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);

desviacionestandar\_r = std(r\_poblacional);

ruido\_r = desviacionestandar\_r/promedio\_r;

longitud\_r = r\_poblacional(:,length(r\_poblacional(1,:)));

promedio\_p = mean(p\_poblacional);

desviacionestandar\_p = std(p\_poblacional);

ruido\_p = desviacionestandar\_p/promedio\_p;

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');

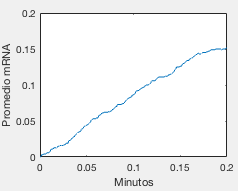
ylabel('Promedio proteínas');

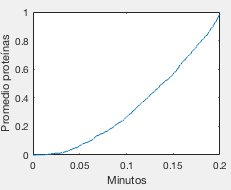
subplot(2,2,4)

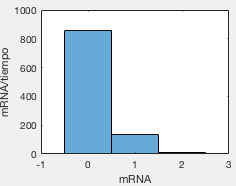
histogram(longitud\_p)

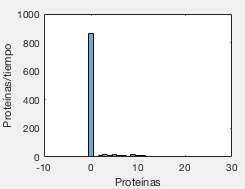
xlabel('Proteínas');

ylabel('Proteínas/tiempo');









CÉLULA GILLESPIE

clc;

clear all

close all

t\_muestra=0.1;

constante=100;

t\_fin=500;

t=0;

l=1;

a = 1; pro

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+=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

if t>=constante\*t\_muestra

l=l+1;

end

end

promedio\_r = mean(b\_array)

desviacionestandar\_r = std(b\_array);

rudo\_r = desviacionestandar\_r/promedio\_r

promedio\_p = mean(c\_array)

desviacionestandar\_p = std(c\_array);

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');

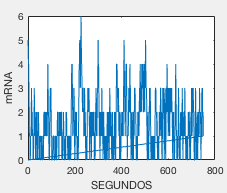
ylabel('PROTEÕNA');

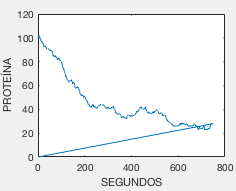
subplot(2,2,4);

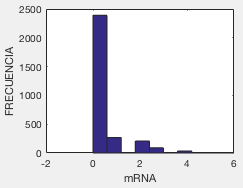
hist(c\_array);

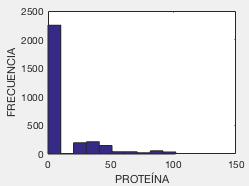
xlabel('PROTEÕNA');

ylabel('CONTEO');









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; pro

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+=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

if t >= constante\*t\_muestra

l=l+1;

end

end

end

promedio\_r = mean(b\_array)

desviacionestandar\_r = std(b\_array);

rudo\_r = desviacionestandar\_r/promedio\_r

promedio\_p = mean(c\_array)

desviacionestandar\_p = std(c\_array);

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');

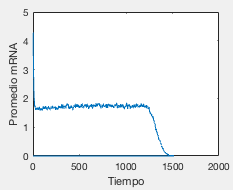
ylabel('Promedio proteínas');

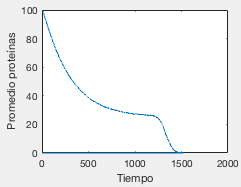
subplot(2,2,4);

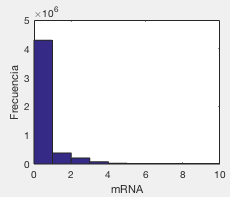
hist(longitud\_p);

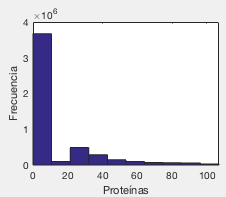
xlabel('Proteínas');

ylabel('Frecuencia');









10000 células

close all

clear all

clc

t\_muestra=0.1;

constante=100;

t\_fin=500;

t=0;

c = 1000;

k=1;

alpha=10^2;

t\_array(1,t\_end/t\_sample+1)=0;

Pro\_array(c,t\_end/t\_sample+1)=0;

M\_array(c,t\_end/t\_sample+1)=0;

P\_array(c,t\_end/t\_sample+1)=0;

tinicio

for n=1:c

Pro = 1;

M = 5;

P = 100;

kM =1;

kP = 0.2;

dM = 0.8;

dP = 0.01;

t=0;

j=1;

t\_array(1,j)=0;

Pro\_array(n,j)=Pro;

M\_array(n,j)=M;

P\_array(n,j)=P;

while t < t\_end,

h = [kM\*Pro kP\*M dM\*M dP\*P];

h0 = sum(h);

r1=rand;

while r1 == 0,

r1=rand;

end

t\_next = ((1/h0)\*(log(1/r1)));

t = t + t\_next;

i=1; mu=0; amu=0; r2=rand;

while amu < r2\*h0,

mu = mu + 1;

amu = amu + h(i);

i = i + 1;

end

if mu == 1

M = M + 1;

elseif mu == 2

P = P + 1;

elseif mu == 3

M = M - 1;

elseif mu == 4

P = P - 1;

end

if t >= j\*t\_sample

j=j+1;

t\_array(1,j)=j;

Pro\_array(n,j)=Pro;

M\_array(n,j)=M;

P\_array(n,j)=P;

end

if t >= k\*alpha\*t\_sample

k=k+1;

end

end

w=waitbar(n/c)

end

close(w)

toc

mean\_mRNA = mean(M\_array);

stdev\_mRNA = std(M\_array);

noise\_mRNA = stdev\_mRNA/mean\_mRNA;

mean\_protein= mean(P\_array);

stdev\_protein = std(P\_array);

noise\_protein = stdev\_protein/mean\_protein;

dist\_rna = M\_array(:);

dist\_pr = P\_array(:);

l=length(t\_array);

subplot(2,2,1);

plot(t\_array(2:l),mean\_mRNA(2:l),'b');

xlabel('Tiempo');

ylabel('Promedio mRNA');

subplot(2,2,2);

hist(dist\_rna);

xlabel('mRNA');

ylabel('Frecuencia');

subplot(2,2,3);

plot(t\_array(2:l),mean\_protein(2:l),'k');

xlabel('Tiempo');

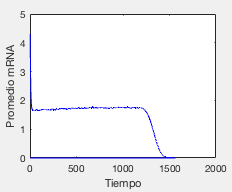
ylabel('Promedio proteÌnas');

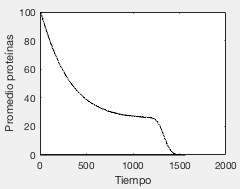
subplot(2,2,4);

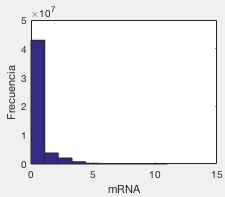
hist(dist\_pr);

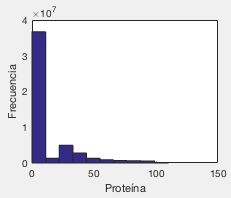
xlabel('ProteÌna');

ylabel('Frecuencia');









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+=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

if t >= constante\*t\_muestra

l=l+1;

end

end

end

promedio\_r = mean(b\_array)

desviacionestandar\_r = std(b\_array);

rudo\_r = desviacionestandar\_r/promedio\_r

promedio\_p = mean(c\_array)

desviacionestandar\_p = std(c\_array);

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');

