

Retroalimentación

In [1]: `%pylab inline`

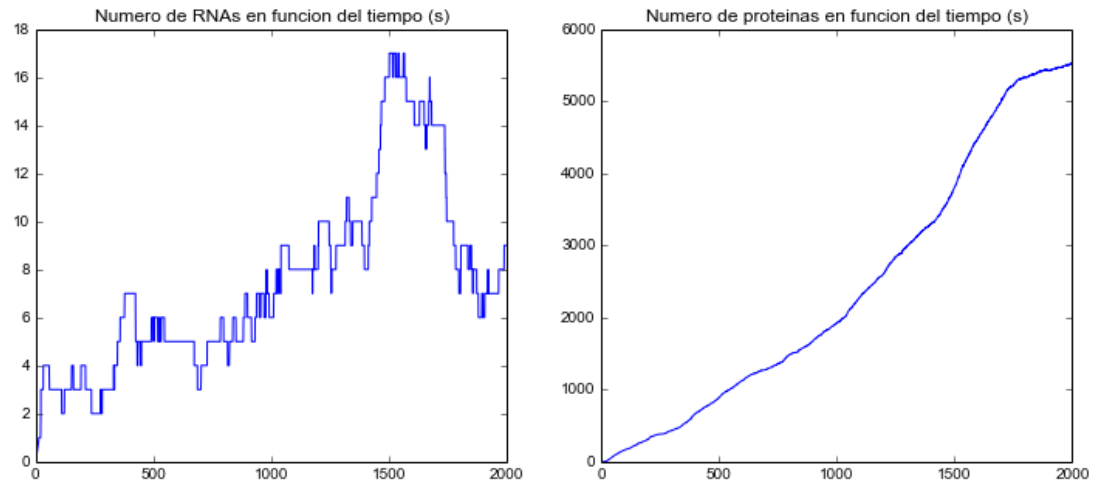
Populating the interactive namespace from numpy and matplotlib

Punto a

```
In [8]: gamma=1./(60*5.)
gamma_p=1./(60*30.)
k_p=1000.*gamma_p
k=10.*gamma
steps=11000
tiempo=linspace(0.,steps,steps+1)
r,p=zeros(size(tiempo)),zeros(size(tiempo))
r[0],p[0],tiempo[0]=0,0,0.
dt=[]
for i in range(size(tiempo)-1):
    T_cr=k
    T_des=gamma*r[i]
    T3=k_p*r[i]
    T4=gamma_p*p[i]
    T_tot=T_cr+T_des+T3+T4
    t=-1./T_tot*(log(random.random()))
    dt.append(t)
    tiempo[i+1]=tiempo[i]+t
    x=random.random()
    if x<(T_cr/T_tot):
        r[i+1]=r[i]+1
        p[i+1]=p[i]
    elif x<(T_cr+T_des)/T_tot:
        r[i+1]=r[i]-1
        p[i+1]=p[i]
    elif x<(T_cr+T_des+T3)/T_tot:
        r[i+1]=r[i]
        p[i+1]=p[i]+1
    else:
        r[i+1]=r[i]
        p[i+1]=p[i]-1
```

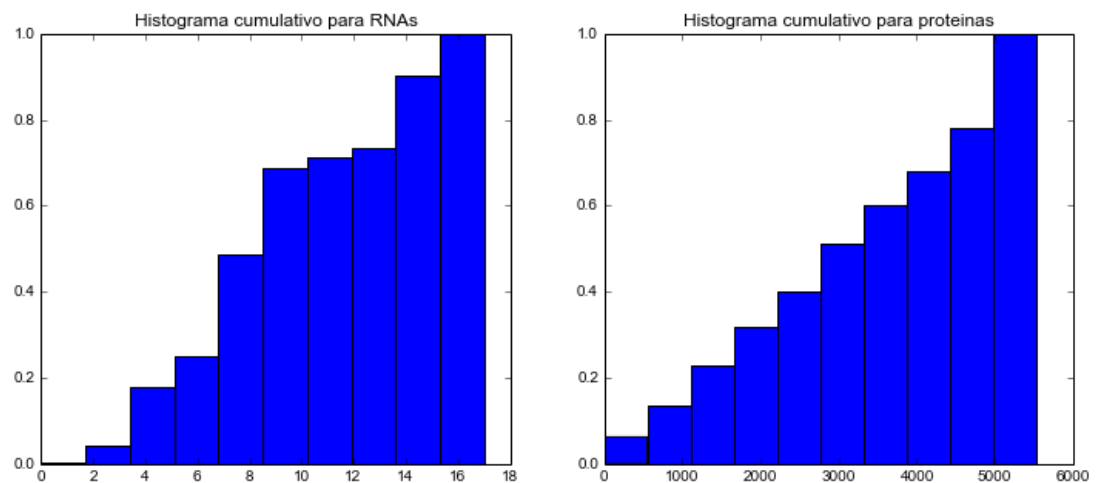
```
In [23]: subplots(1,2,figsize=(12,5))
subplot(1,2,1)
title('Numero de RNAs en funcion del tiempo (s)')
plot(tiempo,r)
subplot(1,2,2)
title('Numero de proteinas en funcion del tiempo (s)')
plot(tiempo,p)
```

Out[23]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x7ff162580150>]



```
In [13]: subplots(1,2,figsize=(12,5))
binis=10
subplot(1,2,1)
title('Histograma cumulativo para RNAs')
hist(r,bins=binis,cumulative=True, normed=True)
subplot(1,2,2)
title('Histograma cumulativo para proteinas')
hist(p,bins=binis,cumulative=True, normed=True)
```

```
Out[13]: (array([ 0.06244887,  0.13507863,  0.22843378,  0.31688028,  0.40050904,
  0.51077175,  0.59976366,  0.68111199,  0.78220162,  1.        ]),
 array([ 0. ,  552.5, 1105. , 1657.5, 2210. , 2762.5, 3315. ,
 3867.5, 4420. , 4972.5, 5525. ]),
 <a list of 10 Patch objects>)
```



```
In [22]: print "El numero de celulas con un numero de proteinas inferior a mil es ",size(
where(p<1000)), "lo que representa un ",100*size(where(p<1000))/float(size(p
)), "%, algo que se puede intuir del histograma cumulativo"
```

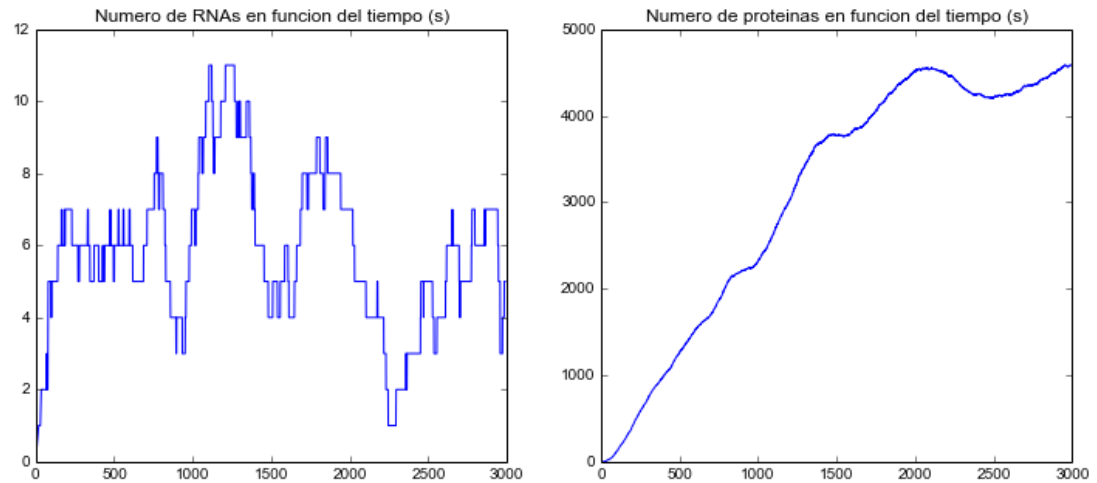
El numero de celulas con un numero de proteinas inferior a mil es 1330 lo que representa un 12.0898100173 %, algo que se puede intuir del histograma cumulativo

Punto b

```
In [51]: gamma2=1./(60*5.)
gamma_p2=1./(60*30.)
k_p2=1000.*gamma_p2
k2=10.*gamma2
h2=2
kappa2=4000.
steps2=110000
tiempo2=linspace(0.,steps2,steps2+1)
r2,p2=zeros(size(tiempo2)),zeros(size(tiempo2))
r2[0],p2[0],tiempo2[0]=0,0,0.
dt2=[]
for i in range(size(tiempo2)-1):
    T_cr2=k2/(1+(p2[i]/kappa2)**h2)
    T_des2=gamma2*r2[i]
    T32=k_p2*r2[i]
    T42=gamma_p2*p2[i]
    T_tot2=T_cr2+T_des2+T32+T42
    t2=-1./T_tot2*(log(random.random()))
    dt2.append(t2)
    tiempo2[i+1]=tiempo2[i]+t2
    x2=random.random()
    if x2<(T_cr2/T_tot2):
        r2[i+1]=r2[i]+1
        p2[i+1]=p2[i]
    elif x2<(T_cr2+T_des2)/T_tot2:
        r2[i+1]=r2[i]-1
        p2[i+1]=p2[i]
    elif x2<(T_cr2+T_des2+T32)/T_tot2:
        r2[i+1]=r2[i]
        p2[i+1]=p2[i]+1
    else:
        r2[i+1]=r2[i]
        p2[i+1]=p2[i]-1
```

```
In [74]: subplots(1,2,figsize=(12,5))
subplot(1,2,1)
title('Numero de RNAs en funcion del tiempo (s)')
plot(tiempo2[0:15000],r2[0:15000])
subplot(1,2,2)
title('Numero de proteinas en funcion del tiempo (s)')
plot(tiempo2[0:15000],p2[0:15000])
```

Out[74]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x7ff15f722d10>]



```
In [75]: print "El numero promedio de proteinas es de ",average(p2[15000:])," y su desv
iacion estandar es",std(p2[18000:])
print "El numero promedio de RNAs es de ",average(r2[15000:])," y su desviacio
n estandar es",std(r2[18000:])
```

El numero promedio de proteinas es de 5008.03665225 y su desviacion estandar es 428.300570886

El numero promedio de RNAs es de 5.47587920127 y su desviacion estandar es 2.07895743483

```

In [57]: gamma3=1./(60*5.)
gamma_p3=1./(60*30.)
k_p3=1000.*gamma_p3
k3=10.*gamma3
h3=4
kappa3=4000.
steps3=110000
tiempo3=linspace(0.,steps3,steps3+1)
r3,p3=zeros(size(tiempo3)),zeros(size(tiempo3))
r3[0],p3[0],tiempo3[0]=0,0,0.
dt3=[]
for i in range(size(tiempo3)-1):
    T_cr3=k3/(1+(p3[i]/kappa3)**h2)
    T_des3=gamma3*r3[i]
    T33=k_p3*r3[i]
    T43=gamma_p3*p3[i]
    T_tot3=T_cr3+T_des3+T33+T43
    t3=-1./T_tot3*(log(random.random()))
    dt3.append(t3)
    tiempo3[i+1]=tiempo3[i]+t2
    x3=random.random()
    if x3<(T_cr3/T_tot3):
        r3[i+1]=r3[i]+1
        p3[i+1]=p3[i]
    elif x3<(T_cr3+T_des3)/T_tot3:
        r3[i+1]=r3[i]-1
        p3[i+1]=p3[i]
    elif x3<(T_cr3+T_des3+T33)/T_tot3:
        r3[i+1]=r3[i]
        p3[i+1]=p3[i]+1
    else:
        r3[i+1]=r3[i]
        p3[i+1]=p3[i]-1

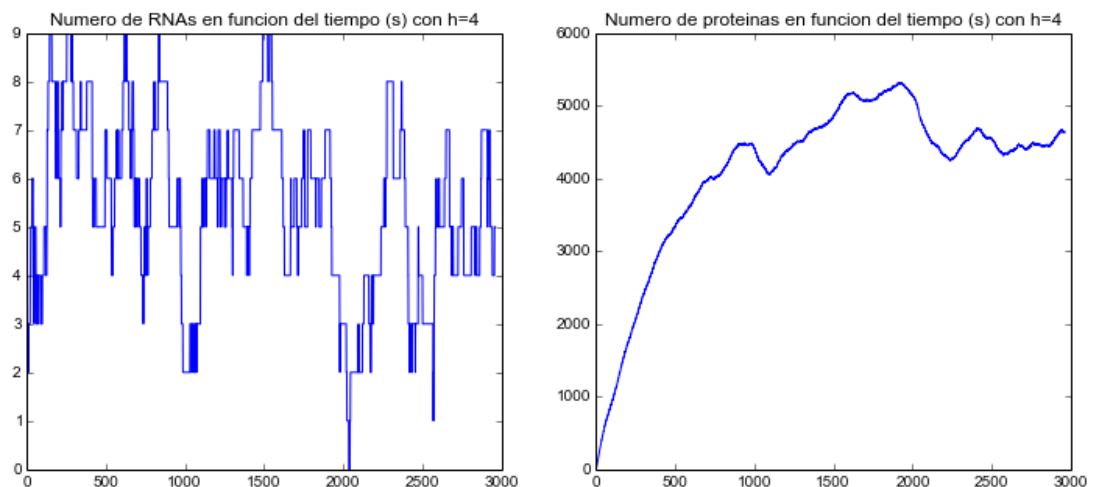
```

```

In [81]: subplots(1,2,figsize=(12,5))
subplot(1,2,1)
title('Numero de RNAs en funcion del tiempo (s) con h=4')
plot(tiempo3[0:37000],r3[0:37000])
subplot(1,2,2)
title('Numero de proteinas en funcion del tiempo (s) con h=4')
plot(tiempo3[0:37000],p3[0:37000])

```

Out[81]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x7ff15ece21d0>]



```
In [82]: print "Despues del equilibrio, el numero promedio de proteinas es de ",average  
(p3[40000:])," y su desviacion estandar es",std(p3[40000:])  
print "Despues del equilibrio, el numero promedio de RNAs es de ",average(r3[4  
0000:])," y su desviacion estandar es",std(r3[40000:])
```

Despues del equilibrio, el numero promedio de proteinas es de 4827.42577963 y su desviacion estandar es 458.945299851
Despues del equilibrio, el numero promedio de RNAs es de 5.14212654105 y su desviacion estandar es 1.92677106134

```

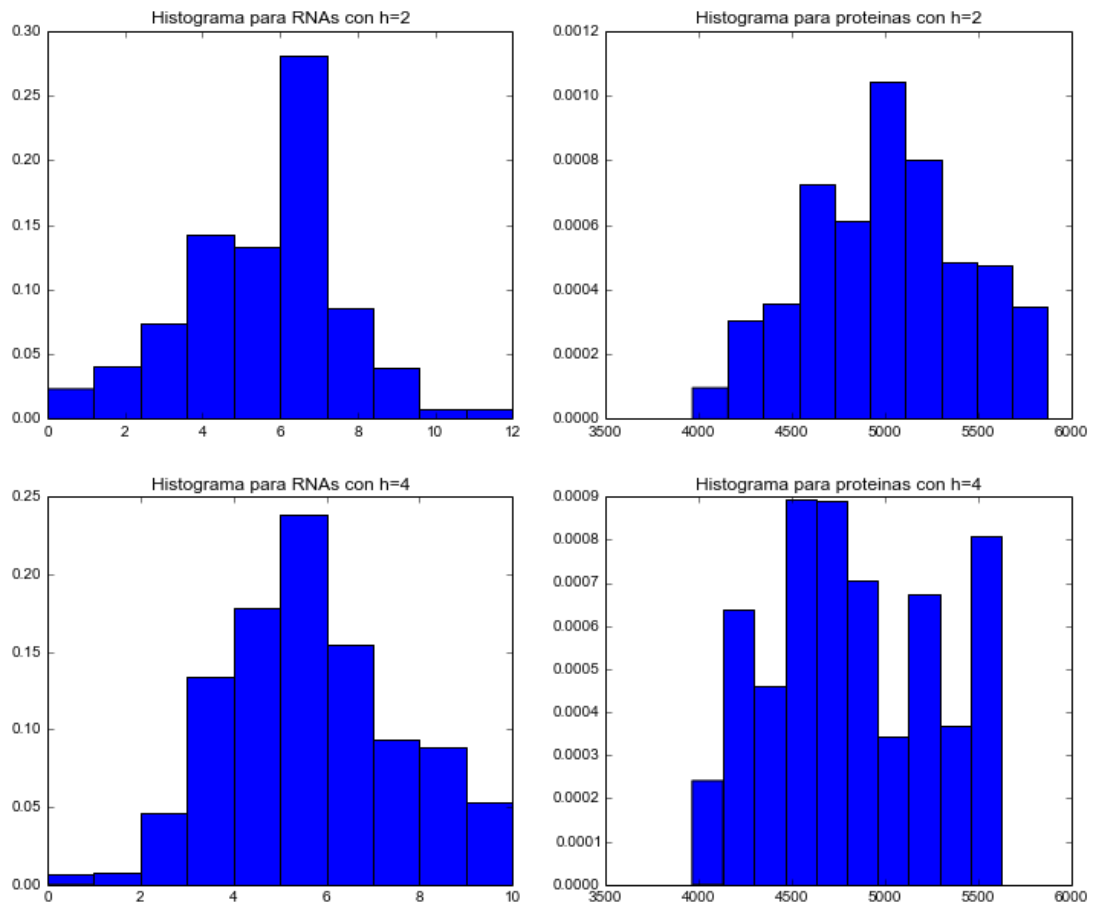
In [83]: subplots(1,2,figsize=(12,10))
        binis=10
        subplot(2,2,1)
        title('Histograma para RNAs con h=2')
        hist(r2[15000:],bins=binis, normed=True)
        subplot(2,2,2)
        title('Histograma para proteinas con h=2')
        hist(p2[15000:],bins=binis, normed=True)
        subplot(2,2,3)
        title('Histograma para RNAs con h=4')
        hist(r3[37000:],bins=binis, normed=True)
        subplot(2,2,4)
        title('Histograma para proteinas con h=4')
        hist(p3[37000:],bins=binis, normed=True)

```

```

Out[83]: (array([ 0.00024084,  0.00063712,  0.0004595 ,  0.00089435,  0.000889 ,
                  0.00070462,  0.00034213,  0.0006719 ,  0.0003676 ,  0.00080979]),
         array([ 3965. ,  4131.2,  4297.4,  4463.6,  4629.8,  4796. ,  4962.2,
                  5128.4,  5294.6,  5460.8,  5627. ]),
         <a list of 10 Patch objects>)

```



Observaciones

Como se puede ver, después de alcanzar el equilibrio el comportamiento entre los dos sistemas con $h=2$ y $h=4$ no difieren significativamente: las distribuciones se ven similares, los valores promedios están muy cercanos (dentro de un σ), y las desviaciones estándar son del mismo orden. La única diferencia, y que es bastante notable, corresponde al comportamiento anterior al equilibrio: con $h=4$ la pendiente inicial es bastante mayor, con lo que rápidamente alcanza el equilibrio en unos 1000s, mientras que con $h=2$ la pendiente al principio es menor que la de $h=4$, y se demora más en alcanzar el equilibrio, aproximadamente el doble, unos 2000s.

Punto c

```
In [89]: print "Con h=2, el numero de celulas que tienen un numero de proteinas menor a
          mil (considerando ciclos de 1000s, i.e., los primeros mil segundos con condic
          iones iniciales p(0)=0 y r(0)=0) es ",size(where((p2<1000) & (tiempo2<1000))),
          " lo que corresponde a un ",100*size(where((p2<1000) & (tiempo2<1000)))/float(
          size(where(tiempo2<1000))),"%"
```

Con $h=2$, el numero de celulas que tienen un numero de proteinas menor a mil (considerando ciclos de 1000s, i.e., los primeros mil segundos con condiciones iniciales $p(0)=0$ y $r(0)=0$) es 1191 lo que corresponde a un 32.3641304348 %