Modelado de la Diabetes Tipo 2 mediante Ecuaciones Diferenciales con retardo

Carlos Eduardo Chacón Rodríguez Yofre Hernán García Gómez

2025-06-01

Tabla de contenidos

1.		delado de la Diabetes Tipo 2 mediante Ecuaciones Diferencia- con retardo	1
2.	Intr	oducción	3
3.	Pre	liminares	5
	3.1.	Interacción entre glucosa e insulina	5
		3.1.1. Entrada de glucosa al organismo	5
		3.1.2. Respuesta del páncreas	5
		3.1.3. Acción de la insulina	6
		3.1.4. Retroalimentación negativa	6
		3.1.5. Diabetes tipo 2: disrupción del sistema	6
4.	Fun	damento fisiológico	9
	4.1.	Generalidades	9
	4.2.	Papel del hígado	9
		4.2.1. Síntesis en el hígado	9
		4.2.2. Degradación en el hígado	10
	4.3.	Papel del páncreas	10
		4.3.1. Síntesis en el páncreas	10
		4.3.2. Degradación en el páncreas	10
	4.4.	Papel de distintos órganos en el metabolismo de la glucosa	10
5 .	Mod	delos clásicos	13
	5.1.	Modelo de Bolie (1961)	13
		5.1.1. Estructura	13
		5.1.2. Características	13
		5.1.3. Aplicaciones	14
		5.1.4. Ejemplo	14
	5.2	Modelo de Bergman (1981) – Modelo Minimal	16

		5.2.1.	Estructura	16
		5.2.2.	Características	16
		5.2.3.	Aplicaciones	17
		5.2.4.	Ejemplo	17
	5.3.	Model	o de Cobelli (1997) – Modelo con Retardos y No Linealidades	18
		5.3.1.	Estructura	18
		5.3.2.	Características	19
		5.3.3.	Aplicaciones	19
		5.3.4.	Intentando hallar solución analítica	19
	5.4.	Glosar	io de unidades de medida	21
c	Δ	•	at the standard and the	20
6.	-		ción interactiva	2 3
	6.1.	Gráfica	a desde archivo externo	23

Modelado de la Diabetes Tipo 2 mediante Ecuaciones Diferenciales con retardo

Introducción

Este sitio forma parte del proyecto de investigación Delfín 2025. Se presenta un modelo basado en ecuaciones diferenciales con retardo para describir la evolución de la glucosa en sangre en pacientes con diabetes tipo 2.

Preliminares

3.1. Interacción entre glucosa e insulina

La interacción entre la glucosa y la insulina en el cuerpo humano constituye un sistema de **retroalimentación negativa**, esencial para mantener la **homeostasis glucémica**, es decir, niveles adecuados de glucosa en sangre.

3.1.1. Entrada de glucosa al organismo

- Ocurre principalmente tras la **ingesta de alimentos**, especialmente ricos en carbohidratos.
- Esto provoca un **aumento en la concentración de glucosa** en sangre (hiperglucemia).

3.1.2. Respuesta del páncreas

- Las células beta del páncreas detectan el aumento de glucosa.
- Como respuesta, **secretan insulina** al torrente sanguíneo.

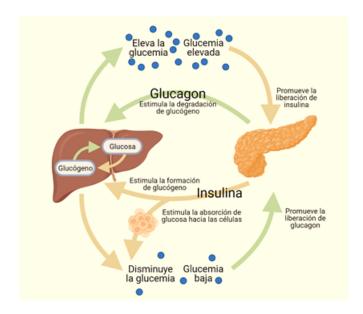


Figura 3.1: Respuesta del páncreas

3.1.3. Acción de la insulina

- La insulina permite que:
 - Las células del **músculo**, **tejido adiposo** y **hígado** absorban glucosa.
 - Se estimule la conversión de glucosa en **glucógeno** (almacenamiento hepático).
 - Se inhiba la producción de glucosa en el hígado.
- El efecto neto es una reducción de la glucosa en sangre.

3.1.4. Retroalimentación negativa

- Cuando la glucosa vuelve a niveles normales o bajos:
 - Disminuye la secreción de insulina.
 - Si la glucosa es muy baja, otras hormonas como el glucagón actúan para elevarla.

3.1.5. Diabetes tipo 2: disrupción del sistema

- En esta enfermedad, el sistema falla por dos razones principales:
 - Las células beta **responden mal a la insulina** (resistencia a la insulina).
 - Con el tiempo, el páncreas produce menos insulina.

Esto provoca un estado crónico de hiperglucemia, que puede dañar órganos y tejidos.

3.1.5.1. Órganos afectados por la hiperglucemia crónica

- Cerebro: mayor riesgo de deterioro cognitivo y accidente cerebrovascular.
- Ojos: daño a la retina (retinopatía diabética), que puede conducir a ceguera.
- Corazón y vasos sanguíneos: enfermedad cardiovascular, hipertensión y arteriosclerosis.
- Extremidades: mala circulación, infecciones frecuentes y riesgo de amputaciones.
- Riñones: daño progresivo (nefropatía diabética) que puede llevar a insuficiencia renal.
- Nervios: neuropatía diabética, que provoca dolor, pérdida de sensibilidad o disfunción autonómica.

Fundamento fisiológico

Pensamos en las interacciones entre glucosa e insulina como si fueran **reacciones químicas**, lo cual facilita su representación y modelado mediante ecuaciones diferenciales:

4.1. Generalidades

Las células realizan dos tipos fundamentales de reacciones químicas:

- Síntesis (anabolismo): Construcción de moléculas complejas a partir de simples, usando energía.
- Degradación (catabolismo): Descomposición de moléculas complejas para liberar energía.

En el contexto de la glucosa, estos procesos permiten mantener la **homeostasis** glucémica.

4.2. Papel del hígado

El **hígado** actúa como regulador clave de la glucemia, alternando entre almacenamiento y liberación de glucosa.

4.2.1. Síntesis en el hígado

• Glucogénesis (formación de glucógeno):

Glucosa
$$\xrightarrow{\text{glucógeno sintasa}}$$
 Glucógeno

Gluconeogénesis (formación de glucosa a partir de compuestos no glucídicos):

Piruvato / Lactato / Alanina
$$\rightarrow$$
 Glucosa

4.2.2. Degradación en el hígado

• Glucogenólisis (degradación de glucógeno para liberar glucosa):

Glucógeno
$$\xrightarrow{\text{glucógeno fosforilasa}}$$
 Glucosa

4.3. Papel del páncreas

El **páncreas endocrino** regula la glucosa mediante la producción de hormonas, pero no la metaboliza directamente.

4.3.1. Síntesis en el páncreas

Síntesis de insulina (células):

$$ADN \rightarrow ARNm \rightarrow Preproinsulina \rightarrow Insulina activa$$

La presencia de glucosa estimula al páncreas a secretar insulina. Este proceso no es instantáneo: existe un tiempo de **retardo** τ debido al tiempo de procesamiento hormonal.

Síntesis de glucagón (células):

Glucagón → Activa glucogenólisis y gluconeogénesis hepática

4.3.2. Degradación en el páncreas

El páncreas no degrada glucosa directamente, pero la **insulina** que secreta estimula la degradación de glucosa en otros órganos (glucólisis).

4.4. Papel de distintos órganos en el metabolismo de la glucosa

Órgano	Reacción	Ruta principal	Molécula clave producida
Hígado	Síntesis	Glucogénesis	Glucógeno
Hígado	Síntesis	Gluconeogénesis	Glucosa
Hígado	Degradación	Glucogenólisis	Glucosa
Páncreas	Síntesis	Traducción hormonal	Insulina / Glucagón
Páncreas	Regulación	Estímulo a degradación	(Indirecta vía insulina)
Músculo	Síntesis	Glucogénesis muscular	Glucógeno
Músculo	Degradación	Glucólisis	ATP (energía)
Riñón	Síntesis	Gluconeogénesis renal	Glucosa
Riñón	Degradación	Reabsorción y consumo	Glucosa
Cerebro	Degradación	Glucólisis neuronal	ATP (uso inmediato de
			glucosa)

Modelos clásicos

5.1. Modelo de Bolie (1961)

5.1.1. Estructura

El modelo es un sistema lineal sin retardos, dado por:

$$\begin{split} \frac{dG}{dt} &= -aG(t) - bI(t) + u(t) \\ \frac{dI}{dt} &= -cI(t) + dG(t) \end{split}$$

donde:

	Interpretación	Unidades
$\overline{G(t)}$	Glucosa en sangre	-mg/dL
I(t)	Insulina en plasma	$\mu \mathrm{U/mL}$
u(t)	Aporte externo de glucosa	$ m mg/dL \cdot min^{-1}$
a	Tasa de eliminación basal de glucosa	$\mathrm{min}^{\;1}$
b	Efecto de la insulina sobre la glucosa	$\mathrm{min}\ ^{1}\cdot (\mu \mathrm{U/mL})\ ^{1}$
c	Tasa de eliminación de insulina	$\mathrm{min}^{\ 1}$
d	Producción de insulina por glucosa	$\mu U \cdot mL^{1} \cdot min^{1} \cdot (mg/dL)^{1}$

5.1.2. Características

- Modelo lineal de primer orden.
- Parámetros constantes.

- Sin retardos ni saturaciones.
- Se puede resolver analíticamente mediante transformadas de Laplace.

5.1.3. Aplicaciones

- Modelado básico y análisis teórico inicial.
- Base para estudio de estabilidad local.

5.1.4. Ejemplo

Consideremos los siguientes parámetros y condiciones iniciales:

Parámetro	Valor	Unidad
\overline{a}	0.1	min ¹
b	0.02	$\mathrm{min}\ ^{1}\cdot (\mathrm{\mu U/mL})\ ^{1}$
c	0.3	\min^{-1}
d	0.5	$\mu U \cdot mL^{-1} \cdot min^{-1} \cdot (mg/dL)^{-1}$
G_0	90	m mg/dL
I_0	10	$\mu \mathrm{U/mL}$
u(t)	$10e^{-0.05t}$	$ m mg/dL \cdot min^{1}$

Llamemos:

$$\mathcal{L}\{G(t)\} = \hat{G}(s)$$

$$\mathcal{L}\{I(t)\} = \hat{I}(s)$$

$$\mathcal{L}\{u(t)\} = \hat{u}(s)$$

Sabemos:

$$\mathcal{L}\{10e^{-0.05t}\} = \frac{10}{s + 0.05}$$

Aplicando la transformada de Laplace al sistema:

$$s\hat{G}(s) - G_0 = -a\hat{G}(s) - b\hat{I}(s) + \frac{10}{s + 0.05}$$

$$s\hat{I}(s)-I_0=-c\hat{I}(s)+d\hat{G}(s)$$

Sustituyendo valores:

$$(s+0.1)\hat{G}(s) + 0.02\hat{I}(s) = 90 + \frac{10}{s+0.05}$$
(1)

$$-0.5\hat{G}(s) + (s+0.3)\hat{I}(s) = 10$$
(2)

Despejamos $\hat{I}(s)$ de (2):

$$\hat{I}(s) = \frac{0.5\hat{G}(s) + 10}{s + 0.3}$$

Sustituimos en (1):

$$(s+0.1)\hat{G}(s) + 0.02 \cdot \frac{0.5\hat{G}(s) + 10}{s+0.3} = 90 + \frac{10}{s+0.05}$$

Multiplicamos ambos lados por (s + 0.3) para eliminar denominador:

$$(s+0.1)(s+0.3)\hat{G}(s) + 0.01\hat{G}(s) + 0.2 = (90 + \frac{10}{s+0.05})(s+0.3)$$

Agrupamos términos para aislar $\hat{G}(s)$:

$$\hat{G}(s) = \frac{(90 + \frac{10}{s + 0.05})(s + 0.3) - 0.2}{(s + 0.1)(s + 0.3) + 0.01}$$

Ahora descomponiendo en fracciones parciales:

$$\hat{G}(s) = \frac{-21.111}{s + 0.2} + \frac{2.133}{(s + 0.2)^2} + \frac{111.111}{s + 0.05}$$

Aplicando transformadas inversas:

$$\mathcal{L}^{-1}\left\{\frac{1}{s+\alpha}\right\} = e^{-\alpha t}, \quad \mathcal{L}^{-1}\left\{\frac{1}{(s+\alpha)^2}\right\} = te^{-\alpha t}$$

Se obtiene:

$$G(t) = -21.111 e^{-0.2t} + 2.133 te^{-0.2t} + 111.111 e^{-0.05t}$$

Análogamente se puede obtener I(t).

5.2. Modelo de Bergman (1981) – Modelo Minimal

5.2.1. Estructura

$$\begin{split} \frac{dG}{dt} &= -(S_G + X(t))G(t) + G_bS_G + u(t) \\ \frac{dX}{dt} &= -p_2X(t) + p_3(I(t) - I_b) \\ \frac{dI}{dt} &= -nI(t) + r(t) \end{split}$$

donde:

	Interpretación	Unidades
$\overline{G(t)}$	Glucosa en plasma	mg/dL
X(t)	Acción efectiva de la insulina	\min^{1}
I(t)	Insulina en plasma	$\mu \mathrm{U/mL}$
G_b	Glucosa basal	m mg/dL
I_b	Insulina basal	$\mu \mathrm{U/mL}$
S_G	Tasa de eliminación basal de glucosa	min ¹
p_2	Tasa de desaparición de la acción	\min^{1}
	insulínica	
p_3	Sensibilidad de acción insulínica a insulina	$\min {}^2 \cdot (\mu U/mL) {}^1$
n	Tasa de eliminación de insulina	min ¹
u(t)	Entrada de glucosa	$ m mg/dL \cdot min^{~1}$
r(t)	Entrada de insulina (endógena o exógena)	$\mu U/mL \cdot min^{-1}$

5.2.2. Características

- No linealidad leve por producto X(t)G(t).
- Sin retardos explícitos.
- Permite análisis mediante convolución.
- Parámetros fisiológicos estimables clínicamente.

5.2.3. Aplicaciones

- Evaluación clínica (IVGTT).
- Modelado para diagnóstico y seguimiento.

5.2.4. Ejemplo

Parámetro	Valor	Unidad
$\overline{p_1}$	0.03	min 1
p_2	0.025	\min^{1}
p_3	0.00013	$\min {}^2 \cdot (\mu U/mL) {}^1$
G_b	90	m mg/dL
I_b	15	$\mu U/mL$

Condiciones iniciales:

$$G(0) = 110$$

$$X(0) = 0$$

Supongamos que la insulina es constante: $I(t) = I_b$ (sin estímulo externo).

$$\frac{dG}{dt} = -(X(t) + 0.03)G(t) + 0.03 \cdot 90$$

Como $I(t) = I_b$, su diferencia es 0:

$$\frac{dX}{dt} = -0.025 X(t)$$

La solución para X(t) es inmediata:

$$X(t) = 0 \Rightarrow$$
 el sistema queda: $\frac{dG}{dt} = -0.03G(t) + 2.7$

Resolvemos la EDO:

$$\frac{dG}{dt} + 0.03G = 2.7$$

Usamos el método del factor integrante:

Multiplicamos por $\mu(t) = e^{0.03t}$:

$$\frac{d}{dt} \left(e^{0.03t} G(t) \right) = 2.7 e^{0.03t}$$

Integrando:

$$e^{0.03t}G(t) = \int 2.7e^{0.03t}dt = \frac{2.7}{0.03}e^{0.03t} + C$$

Despejando:

$$G(t) = 90 + Ce^{-0.03t}$$

Con G(0) = 110:

$$110 = 90 + C \Rightarrow C = 20$$

Finalmente:

$$G(t) = 90 + 20e^{-0.03t}.$$

5.3. Modelo de Cobelli (1997) – Modelo con Retardos y No Linealidades

5.3.1. Estructura

$$\begin{split} \frac{dG}{dt} &= -p_1G(t) - f(X(t))G(t) + D(t) \\ \frac{dX}{dt} &= -p_2X(t) + p_3\sigma(I(t-\tau_1)) \\ \frac{dI}{dt} &= -p_4I(t) + p_5\varphi(G(t-\tau_2)) \end{split}$$

donde:

	Interpretación	Unidades
$\overline{G(t)}$	Glucosa en plasma	mg/dL
I(t)	Insulina en plasma	$\mu \mathrm{U/mL}$
X(t)	Acción insulínica	\min^{-1}

	Interpretación	Unidades
$\overline{D(t)}$	Entrada exógena de glucosa	$ m mg/dL \cdot min^{-1}$
$ au_1, au_2$	Retardos temporales fisiológicos	minutos
p_1	Tasa de eliminación basal de glucosa	$\mathrm{min}^{\ 1}$
p_2	Decaimiento de la acción insulínica	$\mathrm{min}^{\ 1}$
p_3	Ganancia de respuesta de X a $\sigma(I)$	$ m min^{~2}$
p_4	Tasa de eliminación de insulina	$\mathrm{min}^{\ 1}$
p_5	Producción de insulina inducida por glucosa	$\mu U \cdot mL^{-1} \cdot min^{-1}$
K, M	Constantes de saturación para funciones sigmoides	μU/mL (K), mg/dL (M)

5.3.2. Características

- Modelo no lineal con retardos.
- Describe saturación y memoria fisiológica.
- Soluciones requieren análisis funcional y métodos numéricos.

5.3.3. Aplicaciones

- Modelado fisiológico detallado.
- Estudio de diabetes tipo 2.
- Diseño de sistemas de control (páncreas artificial).

5.3.4. Intentando hallar solución analítica

Se supone que el sistema alcanza un equilibrio (G^*, X^*, I^*) donde:

$$\frac{dG}{dt} = \frac{dX}{dt} = \frac{dI}{dt} = 0$$

Suponemos también que $D(t)=D^*$ es constante. Luego, definimos nuevas variables como desviaciones respecto al equilibrio:

$$g(t) = G(t) - G^*$$

$$x(t) = X(t) - X^*$$

$$i(t) = I(t) - I^*$$

Después, aproximamos las funciones no lineales por su expansión lineal de Taylor en el punto de equilibrio:

$$\begin{split} f(X(t)) &\approx f(X^*) + f'(X^*)x(t) \\ \sigma(I(t-\tau_1)) &\approx \sigma(I^*) + \sigma'(I^*)i(t-\tau_1) \\ \varphi(G(t-\tau_2)) &\approx \varphi(G^*) + \varphi'(G^*)g(t-\tau_2) \end{split}$$

Simplificamos, nuestras ecuaciones, así para la ecuación de la glucosa se tiene que:

$$\begin{split} \frac{dG}{dt} &= -p_1 G(t) - f(X(t)) G(t) + D^* \\ &= -p_1 (G^* + g(t)) - [f^* + f_X' x(t)] (G^* + g(t)) + D^* \end{split}$$

Desarrollamos y descartamos términos constantes (que se anulan en equilibrio):

$$\frac{dg}{dt} = -(p_1 + f^*)g(t) - f_X'G^*x(t)$$

Ahora para la acción remota de la insulina:

$$\begin{split} \frac{dX}{dt} &= -p_2 X(t) + p_3 \sigma(I(t-\tau_1)) \\ \Rightarrow \frac{dx}{dt} &= -p_2 x(t) + p_3 \sigma_I' i(t-\tau_1) \end{split}$$

Y finalmente para la ecuación de la insulina plasmática (en la sangre):

$$\begin{split} \frac{dI}{dt} &= -p_4 I(t) + p_5 \varphi(G(t-\tau_2)) \\ \Rightarrow \frac{di}{dt} &= -p_4 i(t) + p_5 \varphi_G' g(t-\tau_2) \end{split}$$

De este modo el sistema linealizado es:

$$\begin{split} \frac{dg}{dt} &= -(p_1 + f^*)g(t) - f_X'G^*x(t) \\ \frac{dx}{dt} &= -p_2x(t) + p_3\sigma_I'i(t-\tau_1) \\ \frac{di}{dt} &= -p_4i(t) + p_5\varphi_G'g(t-\tau_2) \end{split}$$

Para representar lo matricialmente hacemos $y(t) = \begin{bmatrix} g(t) \\ x(t) \\ i(t) \end{bmatrix}$, entonces:

$$\frac{d}{dt}y(t)=A_0y(t)+A_1y(t-\tau_1)+A_2y(t-\tau_2)$$

Donde:

$$A_0 = \begin{bmatrix} -(p_1 + f^*) & -f_X'G^* & 0 \\ 0 & -p_2 & 0 \\ 0 & 0 & -p_4 \end{bmatrix}, \quad A_1 = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p_3\sigma_I' \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad A_2 = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ p_5\varphi_G' & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Existe una solución formal del tipo:

$$y(t) = e^{\lambda t}v$$

Al sustituir esta forma en la ecuación, obtenemos la ecuación característica trascendental:

$$\lambda v = A_0 v + A_1 e^{-\lambda \tau_1} v + A_2 e^{-\lambda \tau_2} v$$

Lo cual lleva a la condición:

$$\det\left(\lambda I-A_0-A_1e^{-\lambda\tau_1}-A_2e^{-\lambda\tau_2}\right)=0$$

Este determinante define una función trascendental en λ , difícil de resolver de forma cerrada.

5.3.4.1. Dificultades que surgen

- La ecuación característica no es un polinomio (como en sistemas sin retardo), sino una combinación de funciones exponenciales con retardos.
- No se puede encontrar una expresión explícita de λ en general.
- Incluso si se determinan los valores de λ , se requiere conocer funciones iniciales y(t) para $t \in [-\tau_{\text{máx}}, 0]$ para construir la solución completa.

5.4. Glosario de unidades de medida

Unidad	Significado
mg/dL $\mu U/mL$ min^{-1} min^{-2} $mg/dL \cdot min^{-1}$ $\mu U/mL \cdot min^{-1}$ $\mu UmL^{-1} \cdot min^{-1}$	miligramos por decilitro (concentración) micro-unidades por mililitro (concentración) por minuto (frecuencia o tasa de cambio) por minuto al cuadrado entrada de glucosa por minuto entrada de insulina por minuto producción de insulina por concentración y tiempo

Aproximación interactiva

6.1. Gráfica desde archivo externo

```
using LinearAlgebra
using Plots
using Roots
function generar_grafica()
   # Parámetros
    1_{\text{vals}} = 0.0:2.0:20.0
    2_{vals} = 0.0:2.0:20.0
    # Parámetros del modelo (generan inestabilidad)
    p1 = 0.02 # captación de glucosa
    p2 = 0.03 # degradación de X
    p3 = 0.05
                 # baja respuesta a insulina
    p4 = 0.2 # alta degradación de insulina
    p5 = 0.05 # baja secreción de insulina
    # Función que calcula la parte real de la raíz dominante
    function raiz_dominante(1, 2)
        A0 = [-p1 -1.0 0.0; 0.0 -p2 0.0; 0.0 0.0 -p4]
        A1 = [0.0 \ 0.0 \ 0.0; \ 0.0 \ 0.0 \ p3; \ 0.0 \ 0.0]
        A2 = [0.0 \ 0.0 \ 0.0; \ 0.0 \ 0.0; \ p5 \ 0.0 \ 0.0]
        BO = AO + A1 + A2
        B1 = I + A1 * 1 + A2 * 2
```

```
B2 = (A1 * 1^2 + A2 * 2^2) / 2
       P() = det(-B0 + *B1 - ^2 *B2)
       h = 1e-6
       dP() = (P( + h) - P( - h)) / (2h)
        0 = -0.05 + 0.1im
       try
             = find_zero((P, dP), 0, Roots.Newton())
           return real()
        catch
           return NaN
        end
   end
    # Recolectar datos para superficie 3D
    1_grid = collect(1_vals)
    2_grid = collect(2_vals)
    z_vals = [raiz_dominante(1, 2) for 2 in 2_grid, 1 in 1_grid]
   # Gráfico de superficie (no interactivo)
    surface(
        1_grid, 2_grid, z_vals;
       xlabel = " ",
       ylabel = " ",
       zlabel = "Re()",
       title = "Superficie de Re() dominante según y ",
        c = :RdBu,
       legend = false,
       size = (800, 600)
    )
end
# Generar la gráfica
grafica = generar_grafica()
savefig("grafica.png") # guarda el gráfico como imagen
```

[&]quot;C:\\proyectos\\proyecto-delfin\\grafica.png"

Superficie de Re(λ) dominante según τ_1 y τ_2

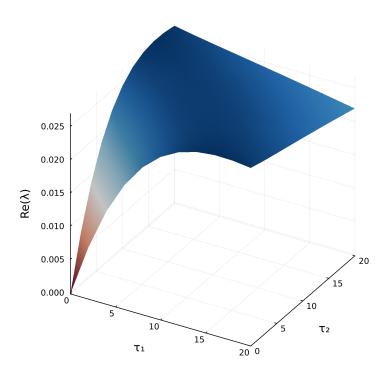


Figura 6.1: Gráfica de Re()

```
# dde_cobelli_debug.jl - Simulación con estimación de retardos
using DifferentialEquations, Plots, Optim, Random, Statistics
# 1. Definición de parámetros fisiológicos (conocidos)
p1, p2, p3, p4, p5 = 0.02, 0.03, 0.5, 0.1, 0.4
1_true, 2_true = 10.0, 15.0
A, d = 25 * 1000, 30.0
# 2. Funciones auxiliares
D_func(t) = t < 0 ? 0.0 : (A / d) * t * exp(-t / d) # respuesta de ingesta
# 3. Historia inicial
G0, X0, I0 = 90.0, 0.0, 10.0
historia(t, _) = [G0, X0, I0] # acepta segundo argumento requerido por HistoryFuncti</pre>
```

```
# 4. Paquete de parámetros (con 1, 2 conocidos para simular datos)
params_true = (
    p1 = p1,
    p2 = p2,
    p3 = p3,
    p4 = p4,
    p5 = p5,
    1 = 1_{\text{true}}
    2 = 2_true,
    D = D_func
# 5. Definición del sistema Cobelli
function cobelli! (du, u, h, p, t)
    G, X, I = u
     = 1e-8
    G_{-} = try h(t - p. 2 - , nothing)[1] catch; G end
    I_{-} = try h(t - p. 1 - , nothing)[3] catch; I end
    f(x) = x / (1 + x)
    (i) = i / (1 + i)
    (g) = g / (1 + g / 100)
    D_val = try p.D(t) catch; 0.0 end
    du[1] = -p.p1 * G - f(X) * G + D val
    du[2] = -p.p2 * X + p.p3 * (I_)
    du[3] = -p.p4 * I + p.p5 * (G_)
end
# 6. Simular datos reales sintéticos
tspan = (0.0, 300.0)
lags = [1_true, 2_true]
prob = DDEProblem(cobelli!, historia, tspan, params_true; constant_lags = lags)
sol = solve(prob, MethodOfSteps(Tsit5()), saveat=1.0)
# 7. Datos simulados con ruido realista
Random.seed! (123)
G, I = 5.0, 2.0 # desviación típica del error experimental
```

```
G obs = sol[1, :] .+ randn(length(sol.t)) .* G
I obs = sol[3, :] .+ randn(length(sol.t)) .* I
# 8. Función de pérdida: error cuadrático entre datos simulados y predichos
function loss()
    1, 2 =
    if 1 <= 0 || 2 <= 0
        return Inf
    end
    p_{est} = merge(params_{true}, (1 = 1, 2 = 2))
        prob est = remake(prob; p=p est, constant lags=[1, 2])
        sol_est = solve(prob_est, MethodOfSteps(Tsit5()), saveat=1.0, sensealg=Interp
        G pred = sol est[1, :]
        I_pred = sol_est[3, :]
        return mean((G_obs .- G_pred).^2 .+ (I_obs .- I_pred).^2)
    catch
        return Inf
    end
end
# 9. Estimación de retardos con Optim
0 = [5.0, 5.0] # inicial
result = optimize(
    loss, [10.0, 15.0], NelderMead(),
    Optim.Options(; iterations = 100)
_est = Optim.minimizer(result)
println("\nEstimación de retardos:")
println(" 1 estimado = $(round(_est[1], digits=2)) (real: $1_true)")
println(" 2 estimado = $(round(_est[2], digits=2)) (real: $2_true)")
# 10. Visualización final
plot(sol.t, G_obs, label="Glucosa observada", lw=2)
plot!(sol.t, I_obs, label="Insulina observada", lw=2)
plot!(sol, idxs=1, label="Glucosa verdadera", lw=2, ls=:dash)
plot!(sol, idxs=3, label="Insulina verdadera", lw=2, ls=:dash)
plot!(
    xlabel="Tiempo (min)", ylabel="Concentración",
    title="Simulación y estimación de retardos", legend=:topright
```

```
# Guardar la figura como PNG, PDF, etc.
savefig("estimacion_retardos.png")
```

Estimación de retardos:

1 estimado = 10.0 (real: 10.0) 2 estimado = 15.0 (real: 15.0)

"C:\\proyectos\\proyecto-delfin\\estimacion_retardos.png"

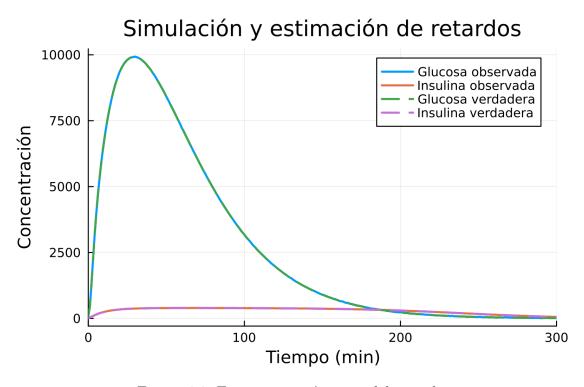


Figura 6.2: Estimaciones óptimas del retardo