

# Modelli di Sistemi Biologici a.a. 2020/21

Paolo Magni

## Esercitazione 4 - Identificazione di modelli compartimentali lineari

Si identifichi il modello compartimentale del C-peptide analizzato nell'esercitazione 1 sulla base dei dati ottenuti dall'esperimento descritto nell'esercitazione 3, usando la tecnica dei minimi quadrati o dei minimi quadrati pesati (scegliere quella opportuna sulla base del modello dell'errore).

Dopo aver ricavato analiticamente le relazioni che intercorrono tra i parametri del modello compartimentale e quelli del modello esponenziale adottato nell'esercitazione 3, si confrontino tra di loro le stime ottenute nelle due esercitazioni. Sono uguali? Sono simili? Con quale delle due parametrizzazioni ottengo CV più bassi?

Si utilizzi la tecnica più appropriata tra Monte Carlo e/o bootstrap per la valutazione dell'affidabilità delle stime e si confrontino i risultati con quelli ottenuti con la tecnica dei minimi quadrati.

**Suggerimento** Per determinare la relazione tra i parametri bisogna derivare l'andamento della concentrazione nel compartimento accessibile. Questo può essere fatto (con carta e penna e un po di buona volontà) passando alle trasformate di Laplace, usando il metodo dei fratti semplici e poi antitrasformando. Usando MATLAB si può seguire un'analoga procedura, una volta fissati i parametri del modello: bisogna ottenere la funzione di trasferimento (istruzione *tf*), calcolare i fratti semplici (istruzione *residue*) e antitrasformare manualmente. Avendo invece a disposizione un tool per il calcolo simbolico si può ottenere l'espressione analitica dell'uscita senza la necessità di fissare il valore ai parametri del modello (istruzione *dsolve*).