

titel

my__name

2023-05-07

1 Introduction

Tijdens dit onderzoek gaan we kijken naar de hoeveelheid mRNA in een biologisch model. We gebruiken hiervoor een model die onderstaand nader wordt uitgelegd.

1.1 Goal

- Describe Goal (not the educational goal but the research goal)
- Describe how you reach the goal (e.g. make model and figures, use different setting)
- formulate hypothesis

Dit onderzoek heeft als doel om aan te tonen hoeveel mRNA er aanwezig is tijdens het biologisch model. We willen niet precies vertellen op welke punten er een x aantal mRNA aanwezig is, maar we willen het verloop laten zien. Dit willen we laten zien door een grafiek te maken van ons model. Deze grafiek kunnen we vervolgens aflezen en conclusies mee trekken.

De verwachting voor het onderzoek is dat de hoeveelheid mRNA na het verloop van tijd constant zal zijn. Als de mRNA to

1.2 Theorie

Het model kan worden gebruikt om weer te geven hoe het aantal mRNA zal veranderen in de loop van de tijd. Er wordt rekening gehouden met het aantal transcripts, afbraaknelheid en het aantal transcripts. Het model kan gebruikt worden om het mRNA te voorspellen en factoren te onderzoeken op het mRNA.

In het model zijn drie variabelen aanwezig. Allereerst de afbraak van mRNA. Dit is een rate die aangeeft hoeveel mRNA er per tijdseenheid wordt afgebroken. Het gaat hier om een afname, daarom is het dus -afname. Verder heb je ook een aantal mRNA. De afname rate is natuurlijk veel hoger bij een grote hoeveelheid mRNA. Vandaar dat deze ook belangrijk is de vergelijking. Tot slot is er ook nog een variabele die aangeeft hoeveel mRNA er per tijdseenheid bijkomt. Deze waarde is ook weer een rate. In dit geval spreek je van aantallen die erbij komen, dus + mRNA toename. Alle variabelen in de vergelijking zijn van invloed op het level mRNA. Als er een verandering plaatsvindt in één van deze variabelen, zal uiteindelijk het aantal/samenstelling van de eiwitten ook anders zijn. Dit stelt ook een onderzoek naar mRNA levels. [1] “The mRNA level is regulated by the transcription rate, mRNA degradation rate, and translation rate. Changes in any of these parameters can lead to alterations in mRNA levels and subsequent changes in protein expression.”

$$\frac{dR}{dt} = -rR + m$$

Hierin is: - r = Aantal afgebroken mRNA per seconde - R = Het aantal transcripts - m = Aantal geproduceerde mRNA per seconde

2 Methode

2.1 Het software model

- Describe the software tools used, as well as the libraries
- Describe the software implementation (note: code below is an example)

Resultaat:

- dR/dt geeft de nieuwe populatie grootte aan dat afhankelijk is van tijd.

Transformaties:

- De initiële waarde is R is gelijk aan 100 transcripts
- $-r$ en m blijven constant.
- De tijdsframe begint bij $t=0$ en eindigt op $t=10$
- Het evenwichtsmoment wordt bereikt wanneer $-r * R = m$
- r is het tempo van afbraak en deelt dus de initiële waarde op, daarom moet de r waarde tussen 0 en 1 om in delen af te trekken bij de keersom.

Om een eigen simulatie te maken van een scenario, wordt de *Desolve* library gebruikt. Op basis van de functie die je opgeeft een de parameters en waardes berekent de functie *ode()* uit Desolve coördinaten per tijdseenheid.

```
library(deSolve)
```

```
## Warning: package 'deSolve' was built under R version 4.2.3
```

Hieronder wordt er een initiële waarde verwacht van honderd verspreid over 100 tijdeenheden (s).

```
# elementen opzetten als variabelen
state <- c(R = 100)
times <- 0:100
```

Om een nieuwe mRNA populatie te berekenen worden de volgende variabele gepasseerd naar functie *new.mRNA.population*:

- $t = \text{times}$
- $R = \text{initiële waarde}$
- $\text{parms}(r, m) = \text{parameters}$

De volgende formule wordt toegepast op deze waardes:

- $$r * R + m$$
- Waar r negatief zal zijn.
- De resultaten worden geretourneerd.

```
new.mRNA.population <- function(t, R, parms){
  with(as.list(c(parms)),{
    delta.R.d.t <- r * R + m
    return(list(c(delta.R.d.t)))
  }
)
}
```

In dit onderzoek worden drie scenario's gesimuleerd een evenwichts in het systeem, een toename en een afname.

Run drie scenario's.

- a) syteem is in evenwicht
- b) hoeveelheid mRNA stijgt over tijd
- c) hoeveelheid mRNA daalt over tijd

```
# evenwichtstoestand
parameters <- c(r = -0.10, m = 10)

# simuleer scenario (a) met de aanname dat de parameters hetzelfde blijven
evenwicht <- ode(times = times, y = state,
  parms = parameters, func = new.mRNA.population, method = "euler")
```

```
# toename mRNA
parameters <- c(r = -0.10, m = 12)
# simuleer scenario (b) met de aanname dat de parameters hetzelfde blijven
toename <- ode(times = times, y = state,
  parms = parameters, func = new.mRNA.population, method = "euler")
```

```
# afname mRNA
parameters <- c(r = -0.10, m = 8)
# simuleer scenario (c) met de aanname dat de parameters hetzelfde blijven
afname <- ode(times = times, y = state,
  parms = parameters, func = new.mRNA.population, method = "euler")
```

2.2 Model configuratie

Explain chosen initial state, parameter values and time sequence. Use tables with values as for example below

Table 2: Parameter Values

Parameter	Value	Unit
<i>a</i>	0.08	$hour^{-1}$
<i>b</i>	0.06	$hour^{-1}$
<i>c</i>	0.06	$hour^{-1}$

3 Results

Introduction of results, how does it answer your research questions.

Hieronder zijn de coördinaten te zien die laten zien in welke richting de populatie beweegt.

```
head(evenwicht)
```

```
##      time    R
## [1,]    0 100
## [2,]    1 100
## [3,]    2 100
## [4,]    3 100
## [5,]    4 100
## [6,]    5 100
```

Tabel 1: evenwicht in transcripts van mRNA populatie.

```
head(toename)
```

```
##      time      R
## [1,]    0 100.0000
## [2,]    1 102.0000
## [3,]    2 103.8000
## [4,]    3 105.4200
## [5,]    4 106.8780
## [6,]    5 108.1902
```

Tabel 2: toename in transcripts van mRNA populatie.

```
head(afname)
```

```
##      time      R
## [1,]    0 100.0000
## [2,]    1  98.0000
## [3,]    2  96.2000
## [4,]    3  94.5800
## [5,]    4  93.1220
## [6,]    5  91.8098
```

Tabel 3: afname in transcripts van mRNA populatie.

Hieronder worden drie scenario's geplot met lijnen.

- Waar de evenwichtstoestand rood kleurt.
- Waar de toenametoestand groen kleurt.
- Waar de afnametoestand blauw kleurt.

```
#code to generate figures with title, subscripts, legenda etc
plot(evenwicht, main = "Aantal transcripts (mRNA) afhankelijk van afbraak en productie",
      xlab = "tijd", ylab = "(n) aantal mRNA transcripts", col = "red")
lines(toename, col = "green")
lines(afname, col = "blue")
legend('topright', c("toename", "evenwicht", "afname"),
      fill = c("green", "red", "blue"), cex = 0.80)
```

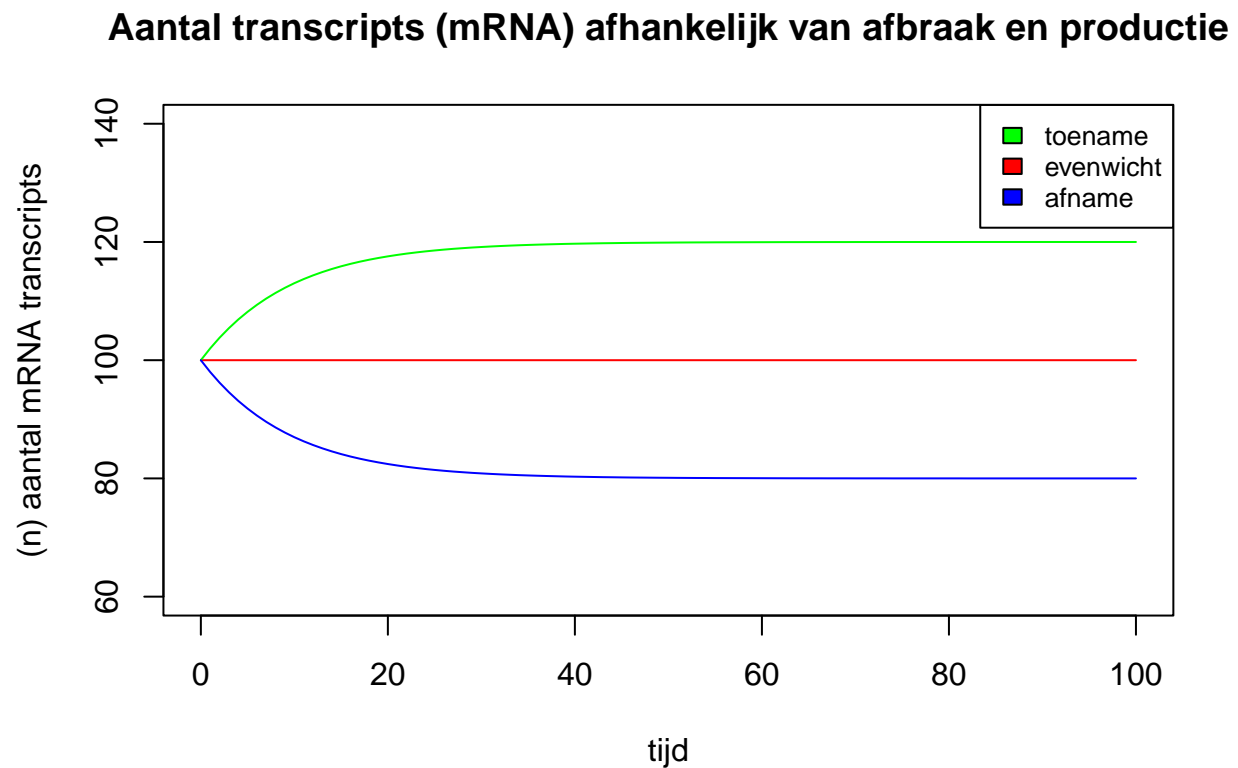


Figure 1: Verandering in transcripts door drie verschillen in productie transcripts per seconde.

- Describe what can be seen in such way that it leads to an answer to your research questions
- Give your figures a number and a descriptive title.
- Provide correct axis labels (unit and quantity), legend and caption.
- Always refer to and discuss your figures and tables in the text - they never stand alone.

4 Discussion and Conclusion

4.1 Discussion

- Compare your results with what is expecting from the literature and discuss differences with them.
- Discuss striking and surprising results.
- Discuss weaknesses in your research and how they could be addressed.

4.2 General conclusion and perspective

Discuss what your goal was, what the end result is and how you could continue working from here.

References

- [1] Christian, Rosemund, et al.: *Regulation of mRNA Translation in Neurons-A Matter of Life and Death*.