

mRNA dynamic

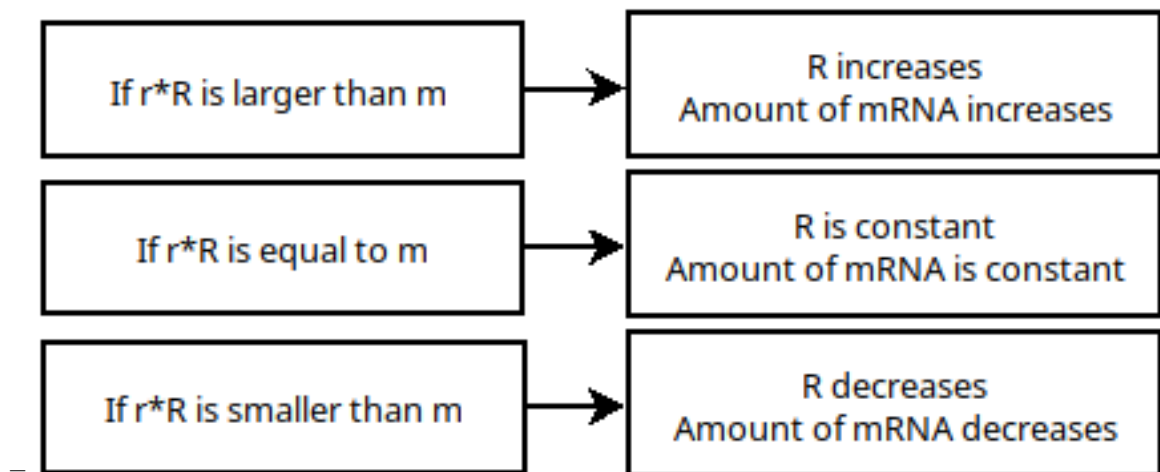
Lisa Hu, Niek Scholten

Opdracht 1

In deze opdracht gebruiken wij het volgende model:

$$\frac{\Delta R}{\Delta t} = -r * R + m$$

- r is de mate waarin de transcriptie vervalst.
- R is de hoeveelheid transcriptie.
- m is de hoeveelheid transcriptie die per seconde wordt geproduceerd.
- [1] Welke parameters moet je programmeren?
 - Alle parameters van het rechterlid.
- [2] Zoek bronnen op internet die uitleggen waar de formule $dR/dt = -rR + m$ vandaan komt.
 - <https://www.math.arizona.edu/~faris/ode.pdf>
 - <https://arep.med.harvard.edu/pdf/Chen99.pdf>
- [3] Teken het biologische model en leg de vertaling naar de formule uit.



- Dit model legt uit wat de invloed is van een veranderende transcriptie factor op het uiteindelijk geproduceerde mRNA.
- [4] Wat is de return waarde van de model functie in R? Waarom return je die en niet R zelf?
 - De return waarde is $\{R\}$, omdat deze door de tijd heen veranderd

```
library(deSolve)
## Define model
volume <- function(t, y, parms){
  with(as.list(parms),{
```

```

    dY <- -r * y + m
    return(list(dY))
  })
}

## Initial state
state <- c(transcripts = 100)

## Timeframe
times <- seq(0, 10, by = 0.01)

## Parameters
params1 <- c(m = 60, r = 0.5)
params2 <- c(m = 40, r = 0.5)
params3 <- c(m = 50, r = 0.5)

incr <- ode(times = times, y = state, parms = params1, func = volume, method = "euler")
decr <- ode(times = times, y = state, parms = params2, func = volume, method = "euler")
stead <- ode(times = times, y = state, parms = params3, func = volume, method = "euler")

plot(incr, type = "l", main = "Number of mRNA transcripts overtime",
     ylab = "mRNA transcripts", xlab = "Timepoints", col = "green", ylim = c(80, 120))
lines(decr, col = "red")
lines(stead, col = "blue")
legend("topleft", legend = c("m = 60", "m = 50", "m = 40"),
      fill = c("green", "blue", "red"))

```

Number of mRNA transcripts overtime

