

mrna

Jorick Baron, Pascal Visser

4/21/2021

1.0 opdracht

In deze opdracht gaan we de mRNA dynamic programmeren. We gebruiken hiervoor het model

$$dR/dt = -rR + m$$

R is the number of transcripts r is the rate of decay of existing transcripts m is the number of new transcripts produced per second In dit geval kunnen we fictieve waarden gebruiken voor R, r en m.

Beantwoord de volgende vragen:

1. Welke parameters moet je programmeren?

```
parameters <- c(new_transcripts, decay_ratio)
```

2. Zoek bronnen op internet die uitleggen waar de formule $dR/dt = -rR + m$ vandaan komt.
3. Teken het biologisch model en leg de vertaling naar de formule uit.

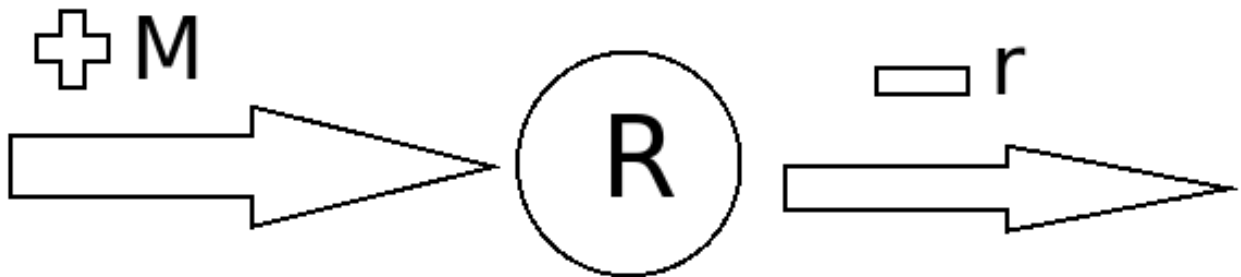


Figure 1: biological model

4. Wat is de return waarde van de model functie in R? Waarom return je die en niet R zelf? > we are looking for dR not R