

## 2.mRNA\_case

Dennis Wiersma

2022-05-10

### Opdracht 1

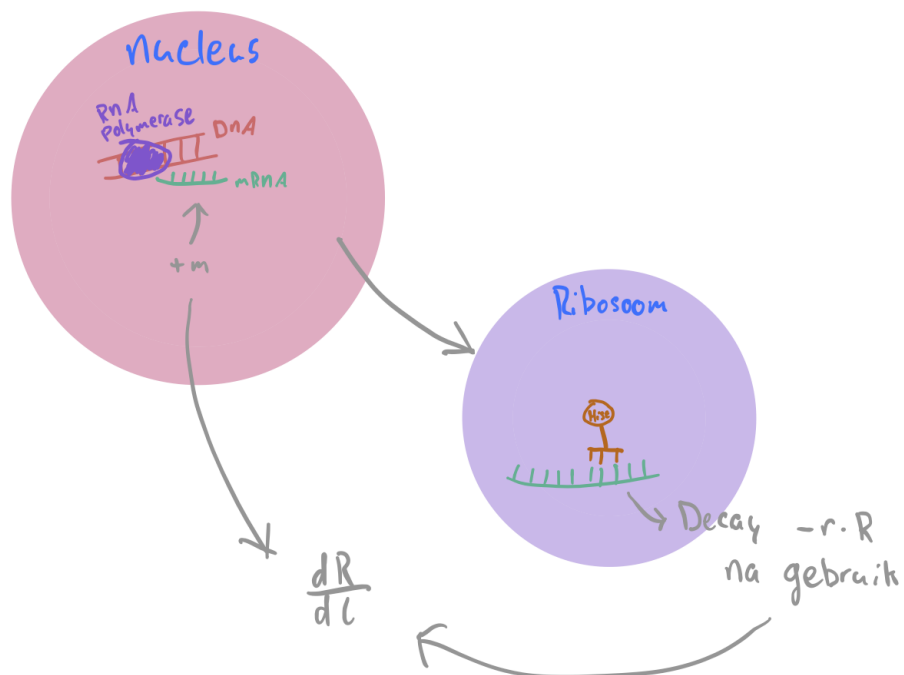
#### Vraag 1

$R$  is het aantal transcripts  $r$  is de mate van verval van bestaande transcripts  $m$  is het aantal nieuwe transcripts dat per seconde wordt geproduceerd

#### Vraag 2

<https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.1420404112>

#### Vraag 3



#### Vraag 4

Omdat je de verandering van  $R$  over de verandering van een bepaalde tijdsframe wilt zien.

## Opdracht 2

```
library(deSolve)

parameters_inc <- c(
  r = 0.1,
  m = 666
)

parameters_dec <- c(
  r = 0.25,
  m = 666
)

parameters_std <- c(
  r = 0.1665,
  m = 666
)

state <- c(R = 4000)

mRNA <- function(t, state, parameters){
  with(as.list(c(state, parameters)),{
    dR <- -r * R + m
    return(list(c(dR)))
  })
}

times <- seq(0, 200)

out_inc <- ode(y = state, times = times, func = mRNA, parms = parameters_inc)
out_dec <- ode(y = state, times = times, func = mRNA, parms = parameters_dec)
out_std <- ode(y = state, times = times, func = mRNA, parms = parameters_std)
plot(out_inc, col = "green", ylab = "number of mRNA transcripts", ylim = c(2000, 7000))
lines(out_dec, col = "blue")
lines(out_std, col = "red")
```

R

