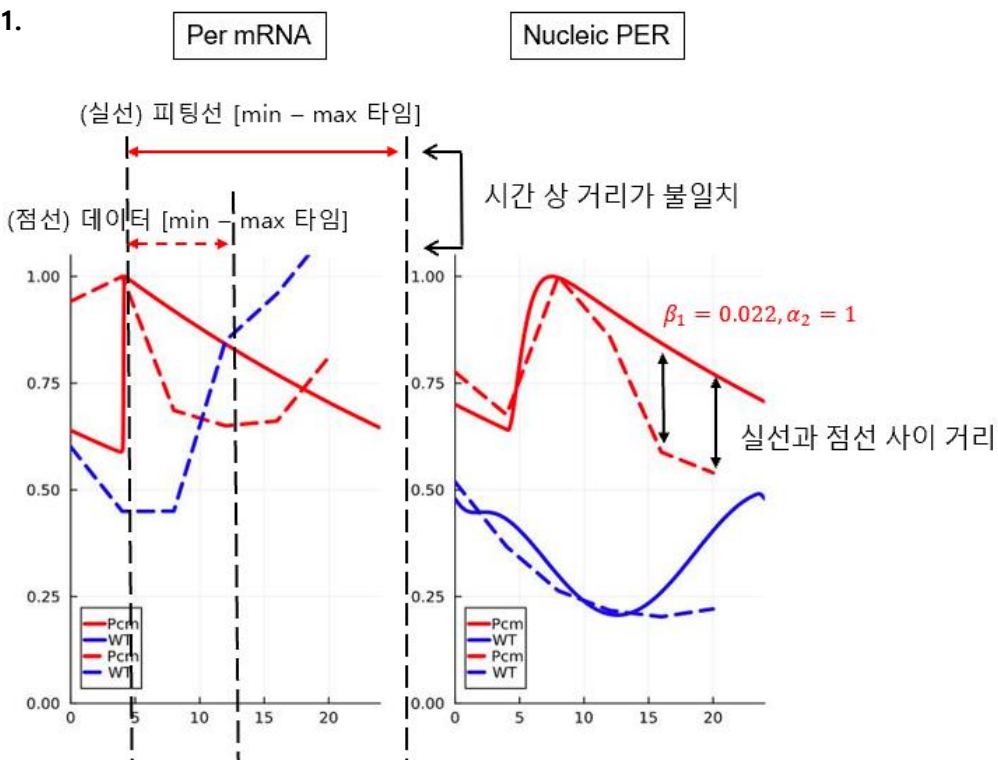


Review: pcm 피팅 과정에서는 min-max 시간 상 거리가 불일치, wt 피팅 과정에서는 왼쪽 (per mRNA) 그래프에서 실선 관측 불가 등의 문제가 있었습니다.

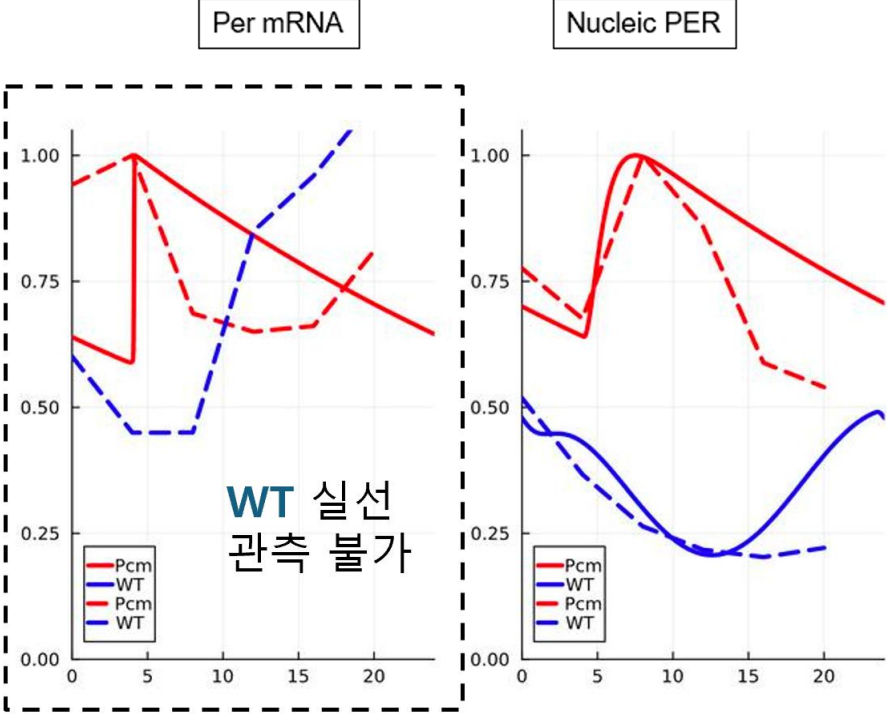
문제 1.



[문제점 1]

Pcm에서 피팅한 max점과 min점 사이의 시간상 거리가, 데이터의 min-max 시간거리와 맞지 않다는 점

문제 2.

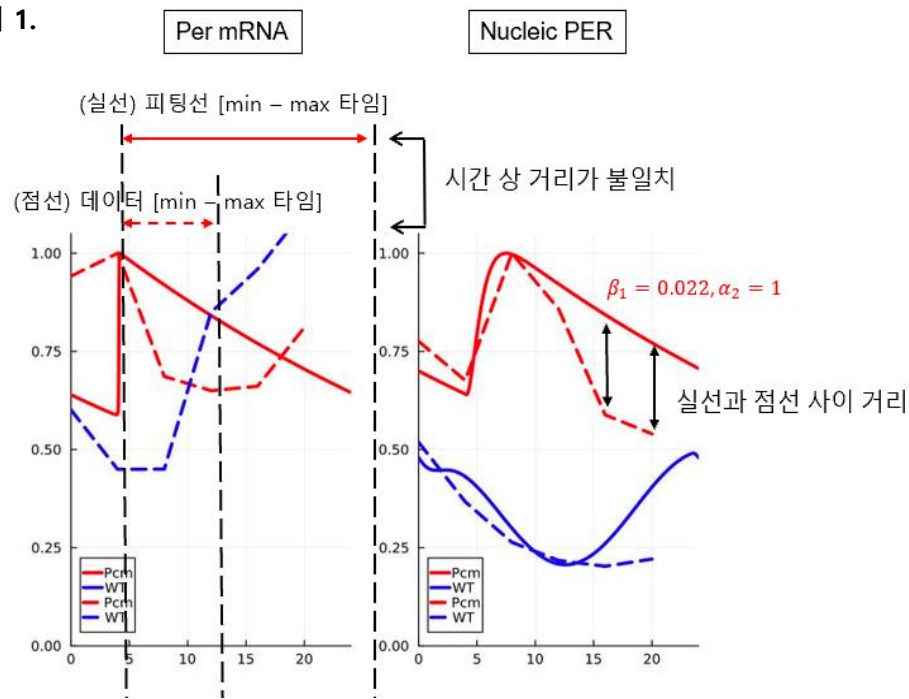


[문제점 2]

Per mRNA (왼쪽) 파란색 데이터를 맞출 수가 없다는 점 (범위를 벗어난 WT 실선 관측 불가)

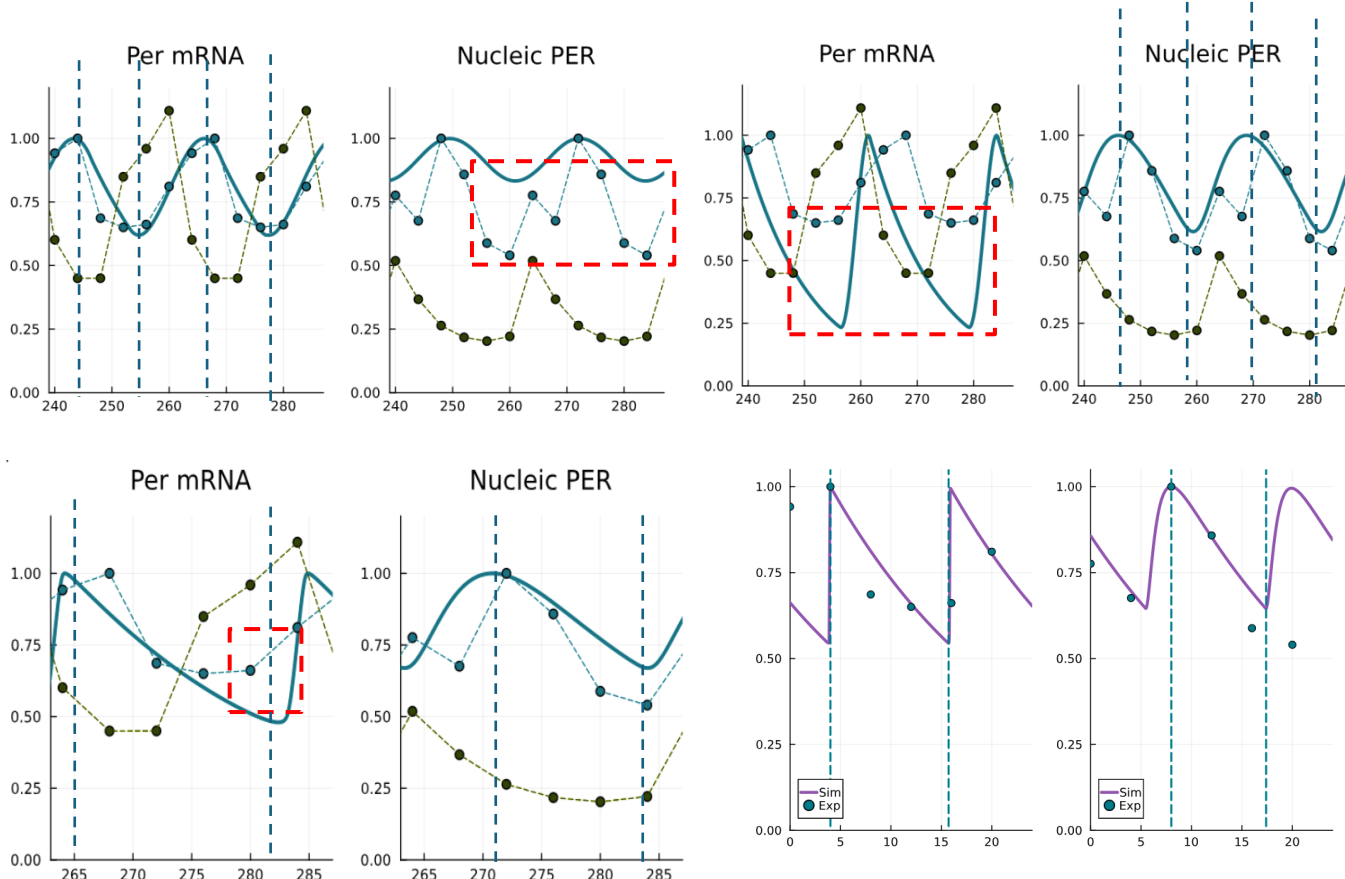
문제점 1의 경우, min-max 시간 상 거리 문제는 개선되었지만, mRNA, PER 2개의 amplitude를 동시에 맞추기 어렵거나, 데이터는 맞추지만 period가 24보다 적은 경우가 있었습니다.

문제 1.



$$\text{Cost} = \sqrt{\left[1 - \frac{\text{측정된 min-max 타임}}{\text{데이터 min-max 타임}}\right]^2 + \sum_{\text{각 시간마다}} \left[1 - \frac{\text{측정 포인트}}{\text{측정 포인트}}\right]^2}$$

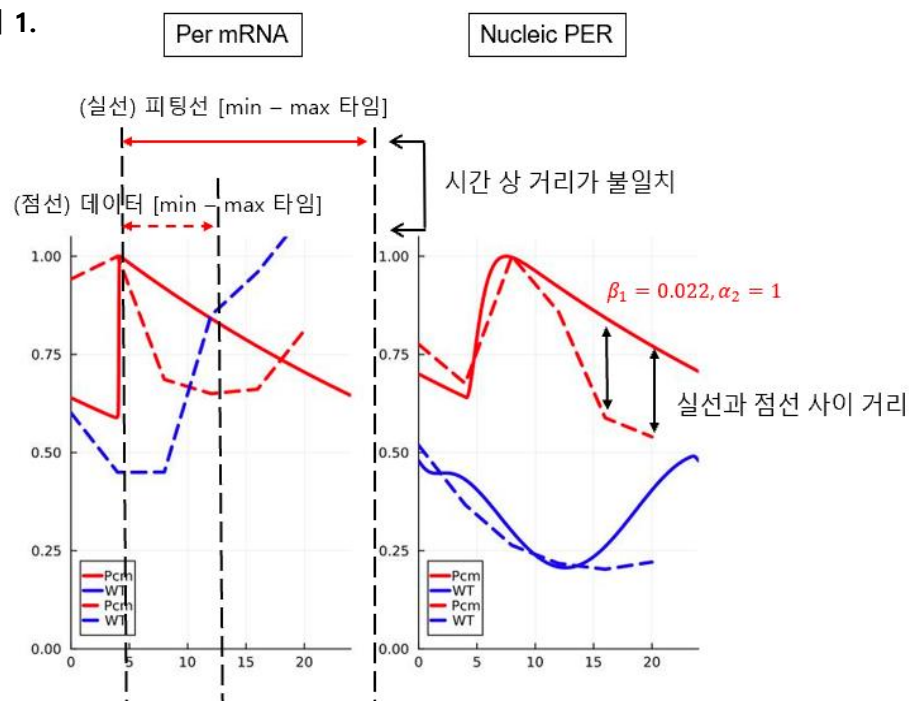
MinT – MaxT 은 맞췄지만 mRNA, PER 2개의 relative amplitude를 동시에 맞추기 어려운 경우



데이터는 맞췄지만 period가 24가 아닌 경우

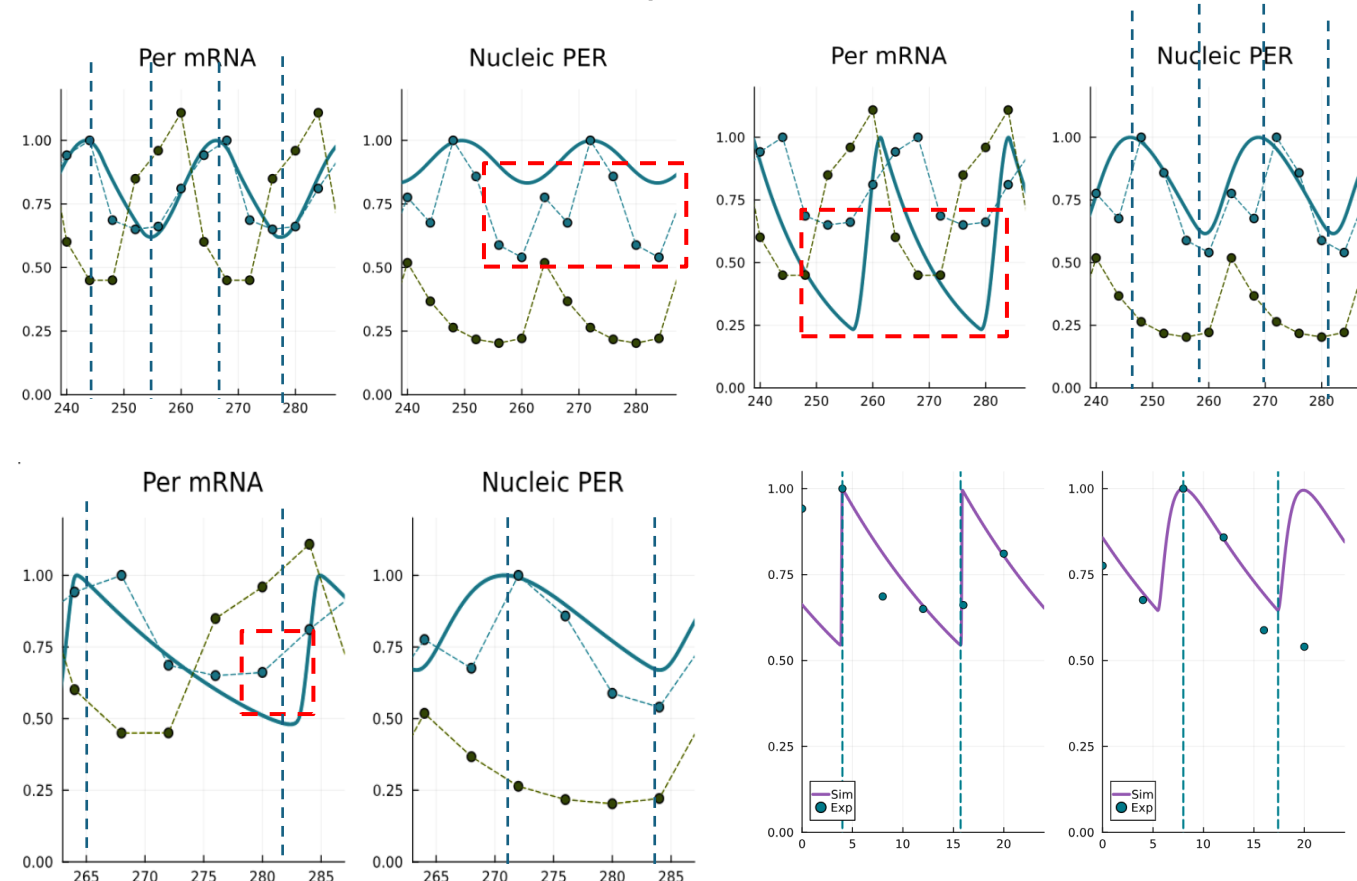
문제점 1의 경우, min-max 시간 상 거리 문제는 개선되었지만, mRNA, PER 2개의 amplitude를 동시에 맞추기 어렵거나, 데이터는 맞추지만 period가 24보다 적은 경우가 있었습니다.

문제 1.



$$\text{Cost} = \sqrt{\left[1 - \frac{\text{측정된 min-max 타임}}{\text{데이터 min-max 타임}}\right]^2 + \sum_{\text{각 시간마다}} \left[1 - \frac{\text{측정 포인트}}{\text{측정 포인트}}\right]^2}$$

MinT – MaxT 은 맞췄지만 mRNA, PER 2개의 relative amplitude를 동시에 맞추기 어려운 경우

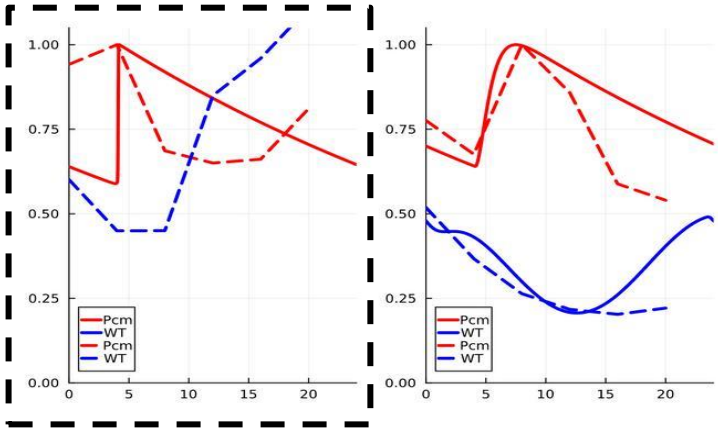


데이터는 맞췄지만 period가 24가 아닌 경우

해결책: PER amplitude에 가장 영향을 주는 파라미터를 직접 수동으로 바꿔보는 방식으로, nucleic PER amplitude를 늘릴 수 있는지 가능성을 탐색해보겠습니다.

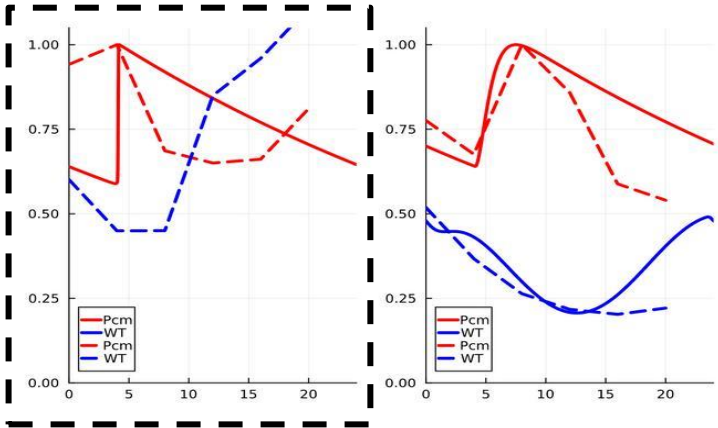
문제점 2의 경우, p-body의 역할 및 모델 조사를 해본 결과, AT 레벨을 낮추어보았더니 WT의 낮은 per mRNA 레벨을 맞출 수 있었습니다.

문제 2. 파란색 WT 실선이
 그래프 범위를 벗어난 문제



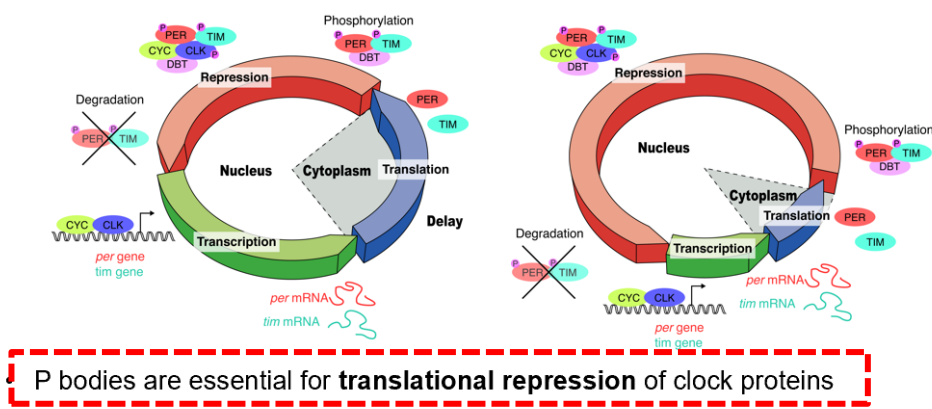
문제점 2의 경우, p-body의 역할 및 모델 조사를 해본 결과, AT 레벨을 낮추어보았더니 WT의 낮은 per mRNA 레벨을 맞출 수 있었습니다.

문제 2. 파란색 WT 실선이 그래프 범위를 벗어난 문제



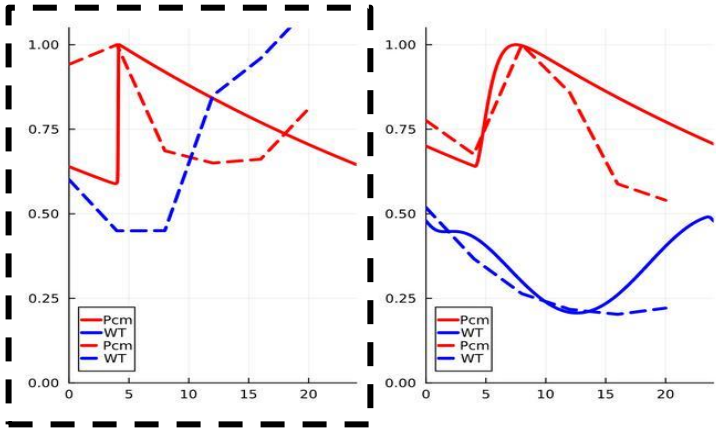
[U.Michigan 슬라이드]

Loss of p-body proteins in clock neurons leads to longer repression phase



문제점 2의 경우, p-body의 역할 및 모델 조사를 해본 결과, AT 레벨을 낮추어보았더니 WT의 낮은 per mRNA 레벨을 맞출 수 있었습니다.

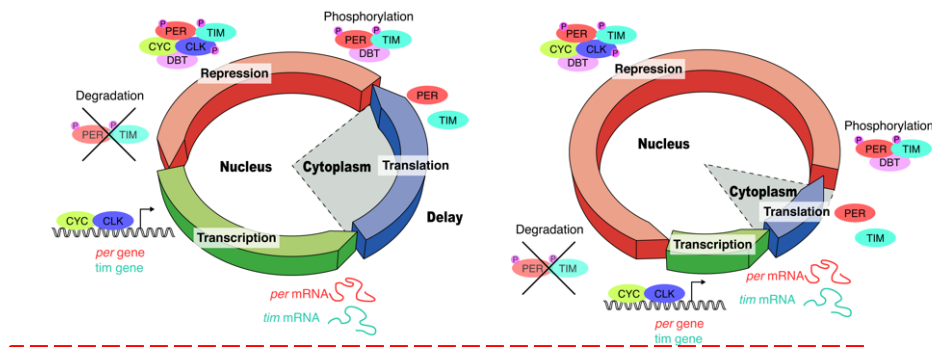
문제 2. 파란색 WT 실선이 그래프 범위를 벗어난 문제



1

[U.Michigan 슬라이드]

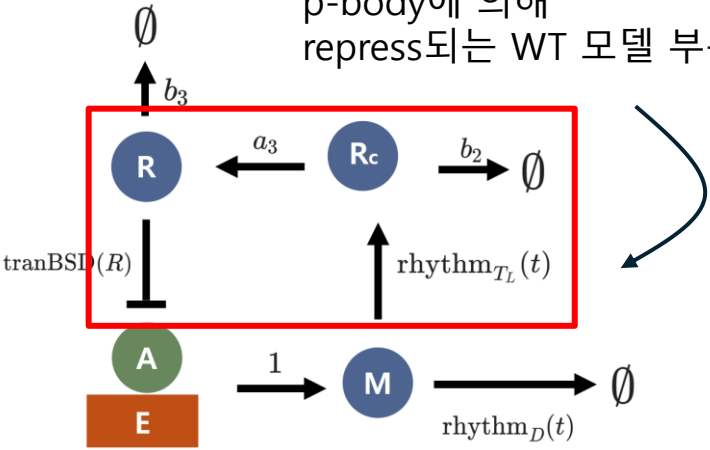
Loss of p-body proteins in clock neurons leads to longer repression phase



P bodies are essential for **translational repression** of clock proteins

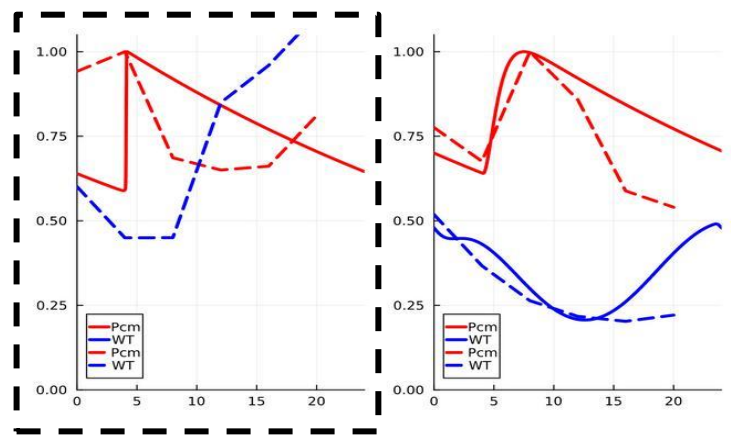
2

∴ 슬라이드에 의하면 p-body에 의해 repress되는 WT 모델 부분



문제점 2의 경우, p-body의 역할 및 모델 조사를 해본 결과, AT 레벨을 낮추어보았더니 WT의 낮은 per mRNA 레벨을 맞출 수 있었습니다.

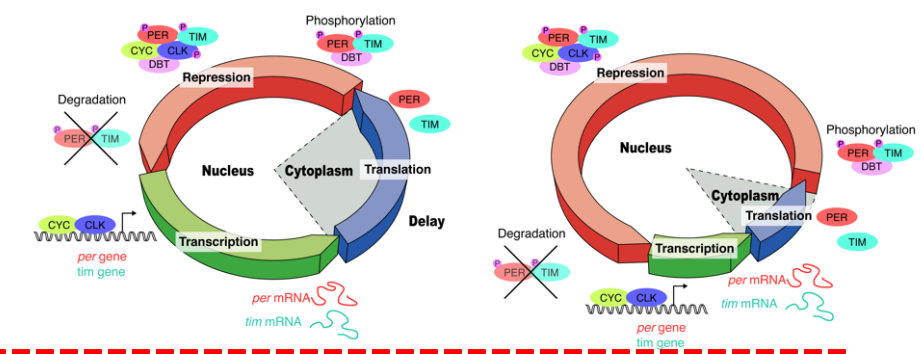
문제 2. 파란색 WT 실선이 그래프 범위를 벗어난 문제



1

[U.Michigan 슬라이드]

Loss of p-body proteins in clock neurons leads to longer repression phase

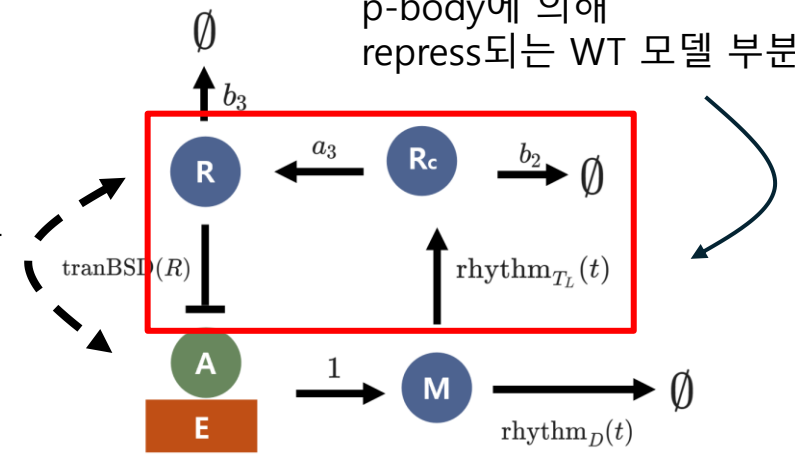


P bodies are essential for translational repression of clock proteins

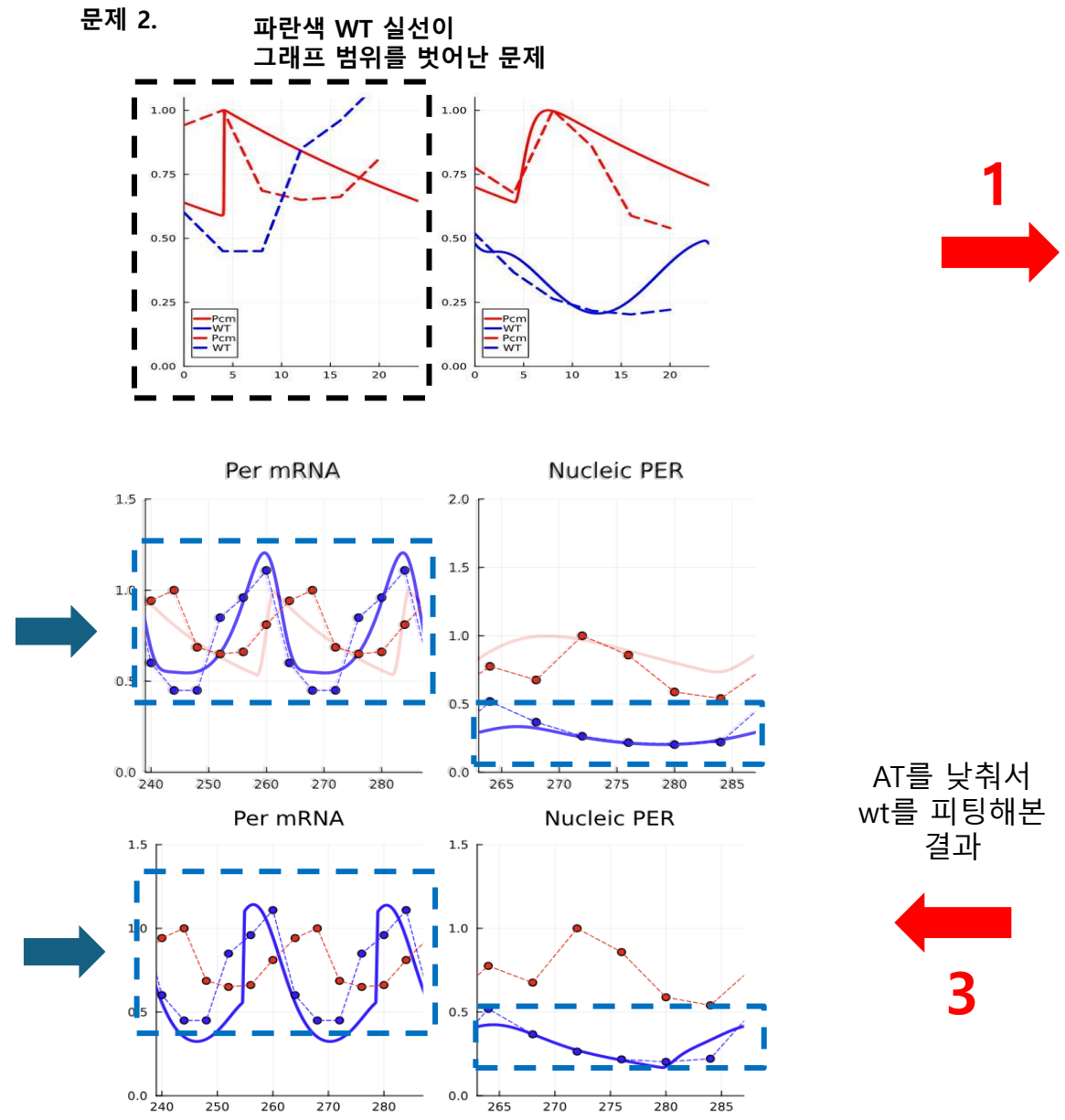
2

∴ 슬라이드에 의하면 p-body에 의해 repress되는 WT 모델 부분

따라서, repress된 R (per)과 1:1 비율을 맞추기 위해 낮은 A (at) 필요

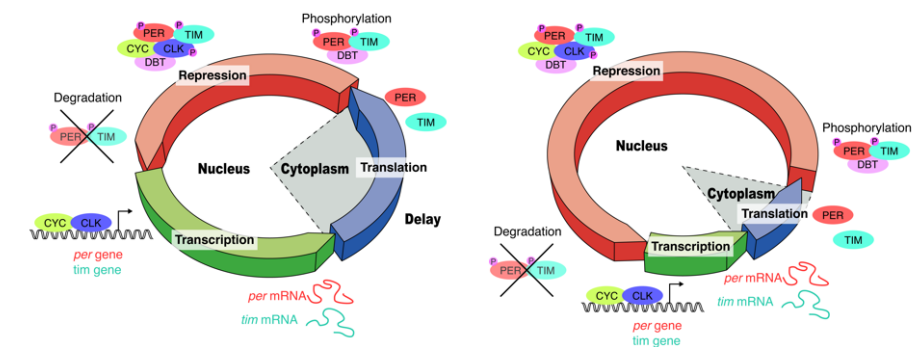


문제점 2의 경우, p-body의 역할 및 모델 조사를 해본 결과, AT 레벨을 낮추어보았더니 WT의 낮은 per mRNA 레벨을 맞출 수 있었습니다.

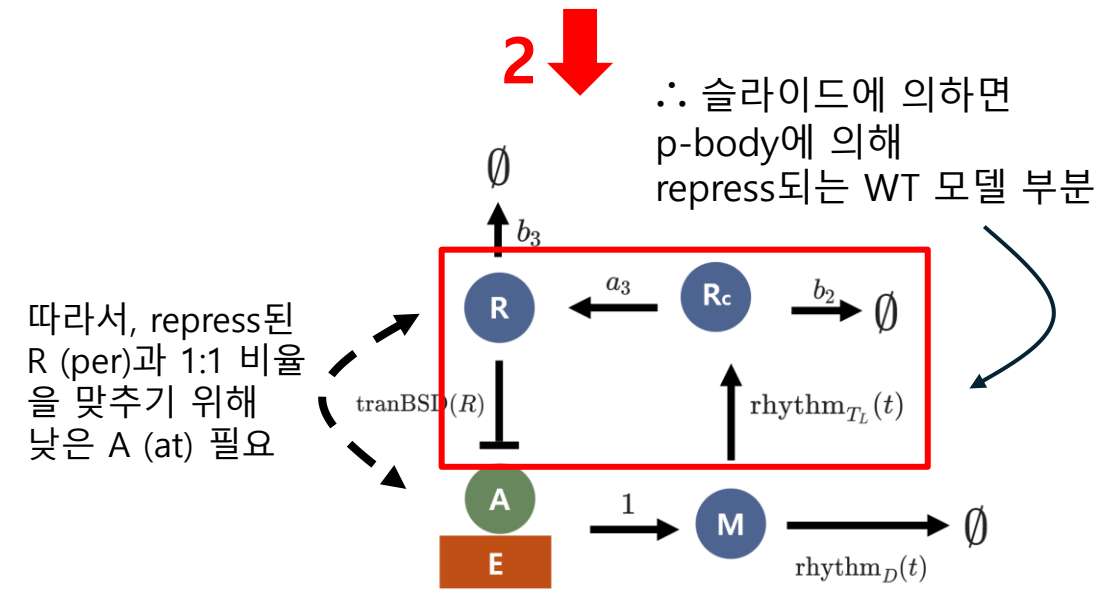


[U.Michigan 슬라이드]

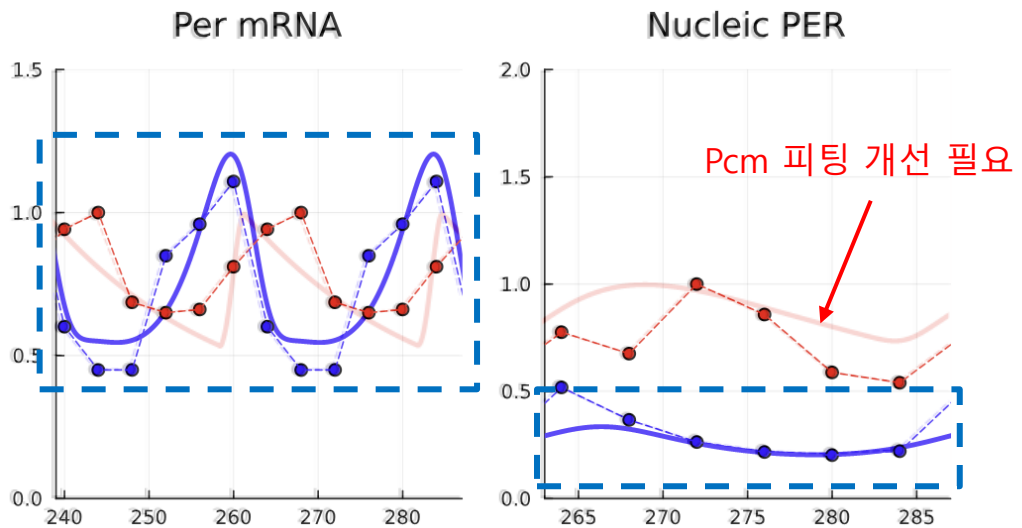
Loss of p-body proteins in clock neurons leads to longer repression phase



P bodies are essential for translational repression of clock proteins

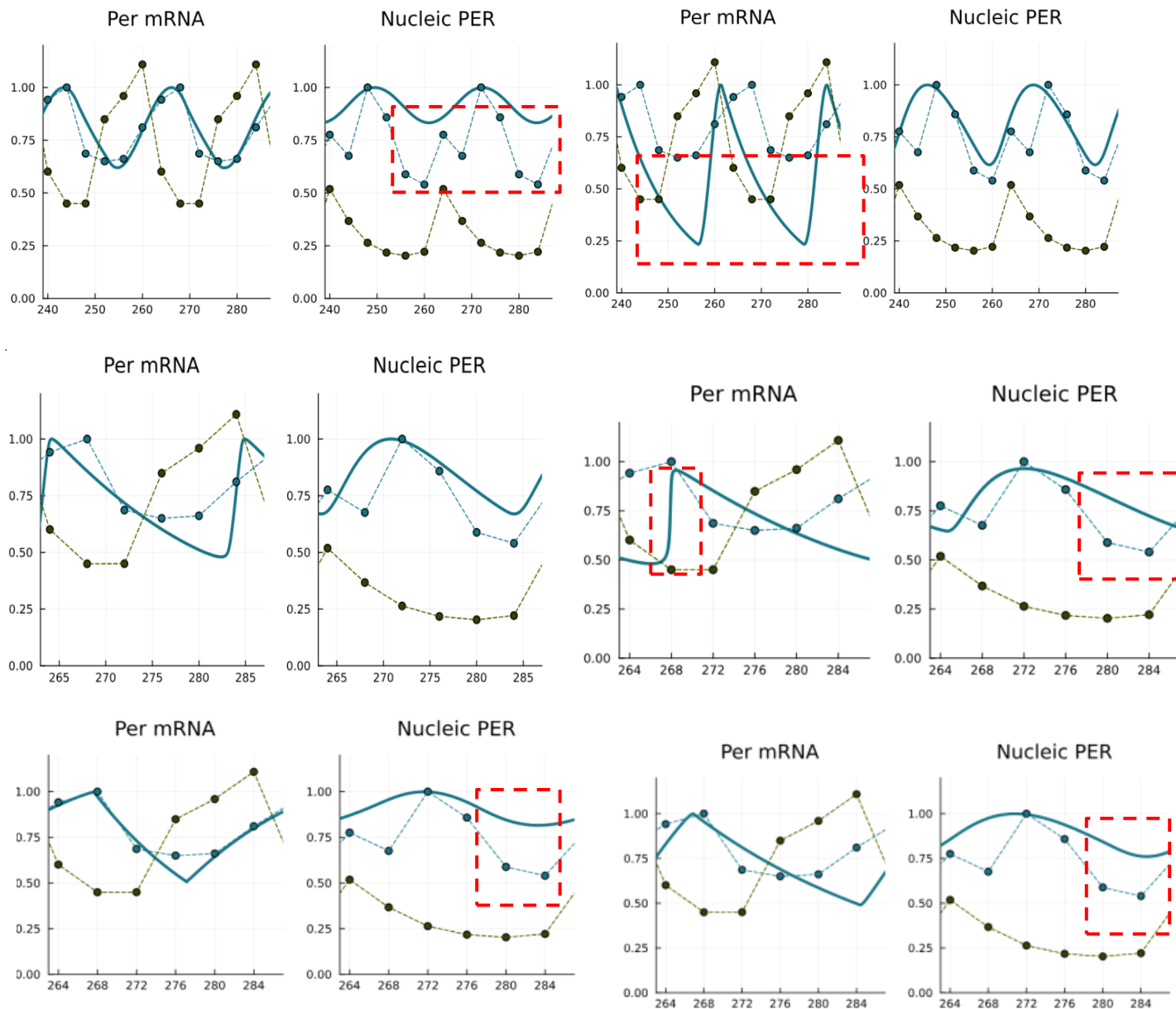


Future Work: pcm의 mRNA, PER 2개의 relative amplitude를 동시에 맞추는 부분에서 피팅의 개선이 더 필요합니다.



Direction:

PER amplitude에 가장 영향을 주는 파라미터를 직접 수동으로 바꿔보는 방식으로, nucleic PER amplitude를 늘릴 수 있는지 가능성을 탐색해 보겠습니다.



Colloquiums Participated

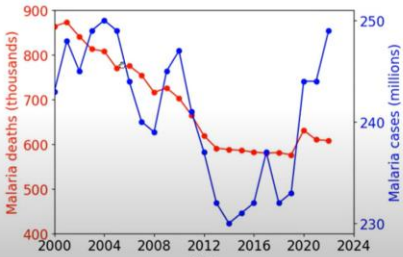
Mathematical models for malaria – Jennifer Flegg

Latent space dynamics identification – Youngsoo Choi

Interpretable Machine Learning-Based Scoring System for Clinical Decision Making – Nan Li (post-session via Youtube)

Malaria burden

- ▶ Malaria continues to be significant global health problem
 - ▶ ~ 600,000 deaths each year
 - ▶ ~ 240 million cases each year
- ▶ ~ 90% of cases and deaths in Africa
- ▶ Health complications especially: infants, children, during pregnancy



Design of LaSDI

Data generation

- A priori (e.g., uniform, Latin hypercube)
- Active/greedy (e.g., physics/uncertainty-informed)

