

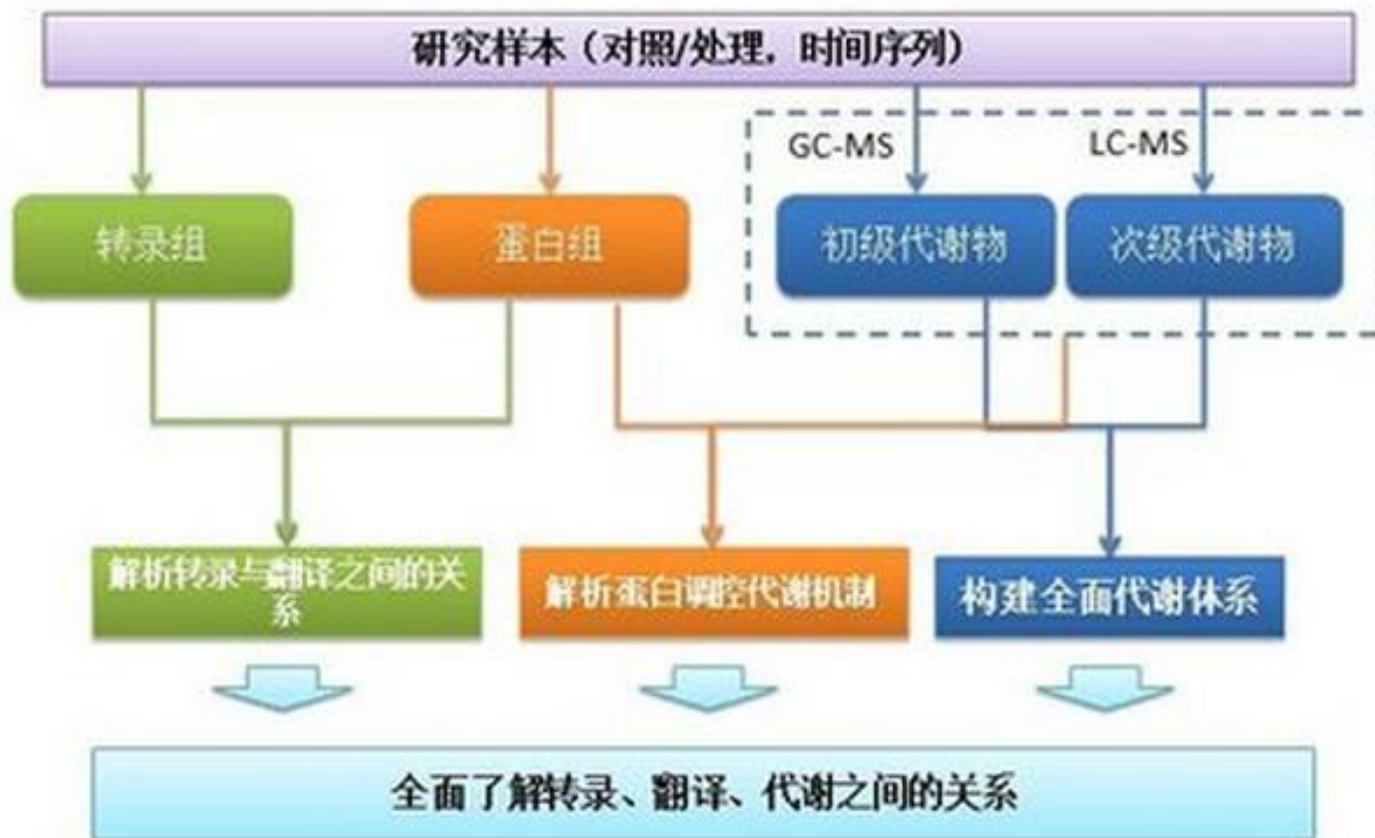
# Multiscale digital *Arabidopsis* predicts individual organ and whole-organism growth

Yin Hoon Chew<sup>a</sup>, Bénédicte Wenden<sup>b</sup>, Anna Flis<sup>c</sup>, Virginie Mengin<sup>c</sup>, Jasper Taylor<sup>d</sup>, Christopher L. Davey<sup>e</sup>, Christopher Tindal<sup>a</sup>, Howard Thomas<sup>e</sup>, Helen J. Ougham<sup>e</sup>, Philippe de Reffye<sup>f</sup>, Mark Stitt<sup>c</sup>, Mathew Williams<sup>g</sup>, Robert Muetzelfeldt<sup>d</sup>, Karen J. Halliday<sup>a</sup>, and Andrew J. Millar<sup>a,1</sup>

小组成员：万建 李康

汇报人：万建

# 背景介绍



# 大众MQB平台

网上车市 www.cheshi.com



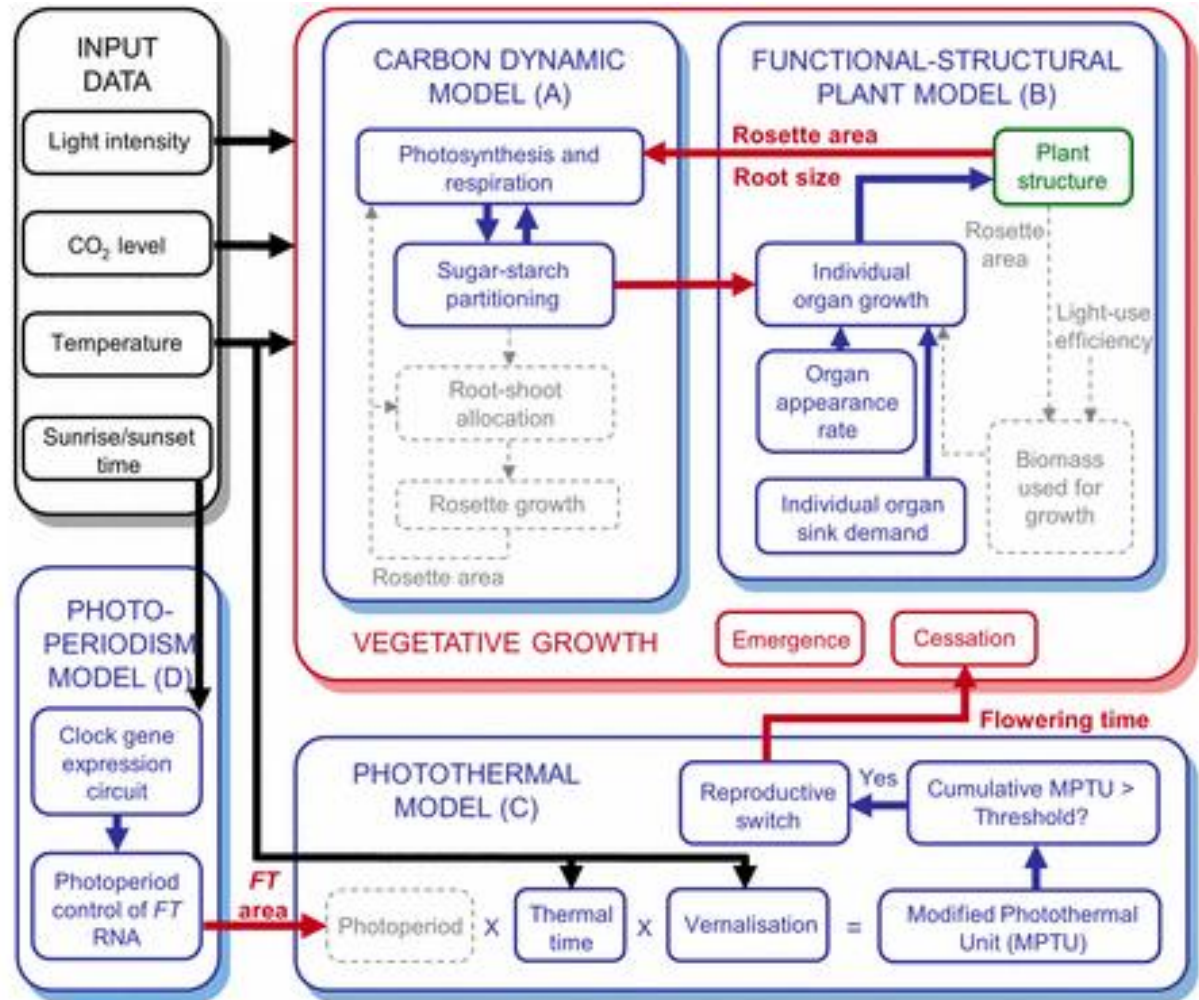
MQB将大量的汽车零部件实现标准化，通用化实现共享，从而缩减研发和制造成本。与此同时，也为新技术的应用创造了条件。

# 模型构建基础

- ▶ 碳动态模型(CDM)考虑光合作用和sugar-starch分区的亚细胞的过程碳(C)叶面积之间的分配
- ▶ functional-structural植物模型(FSPM)描述单个器官增长以及各器官(叶)导致地上结构光拦截
- ▶ 光热光谱分析模型预测的时间开花,基于集成温度随时间变化
- ▶ 光周期现象模型(PPM),这是一个生物钟的基因动态模型与光周期途径



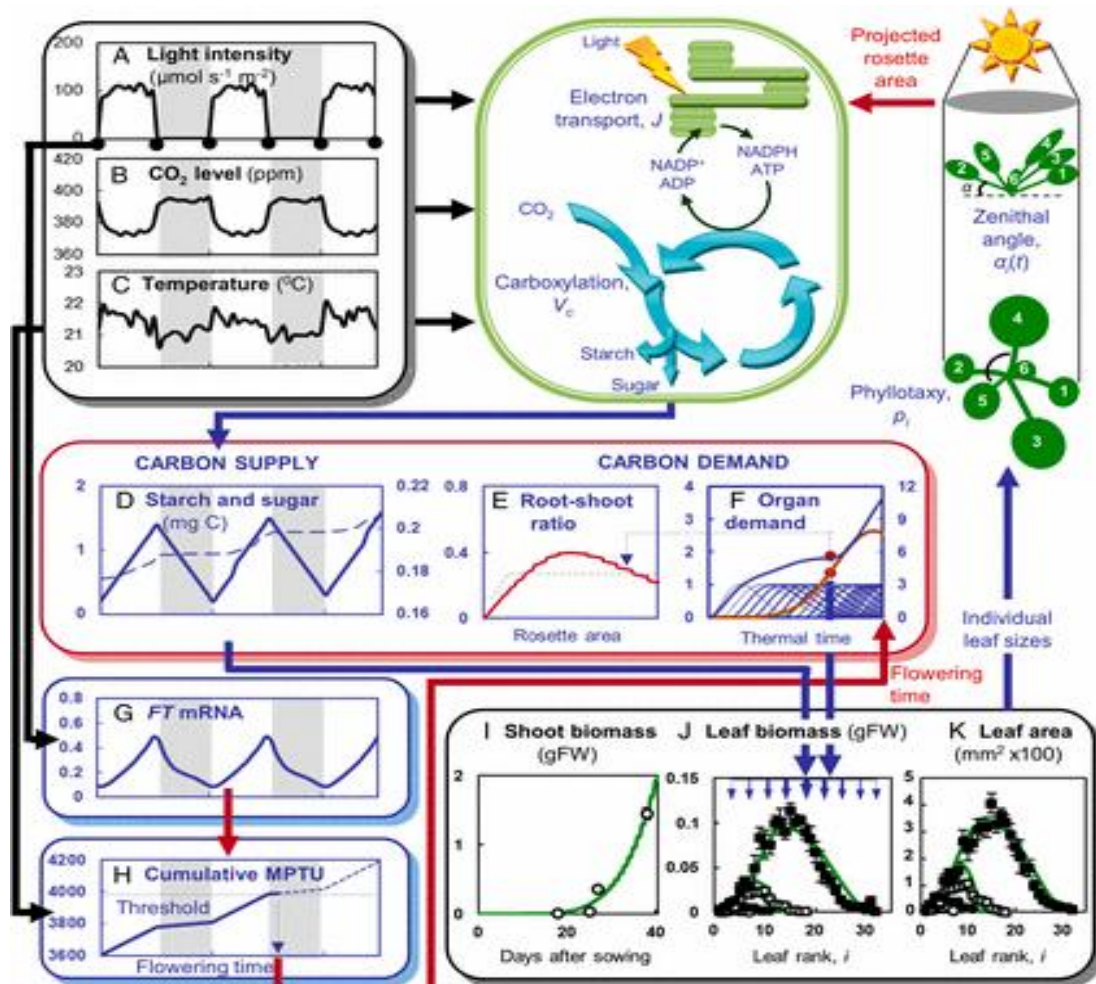
# 模型构建基本思路



# 构建方法

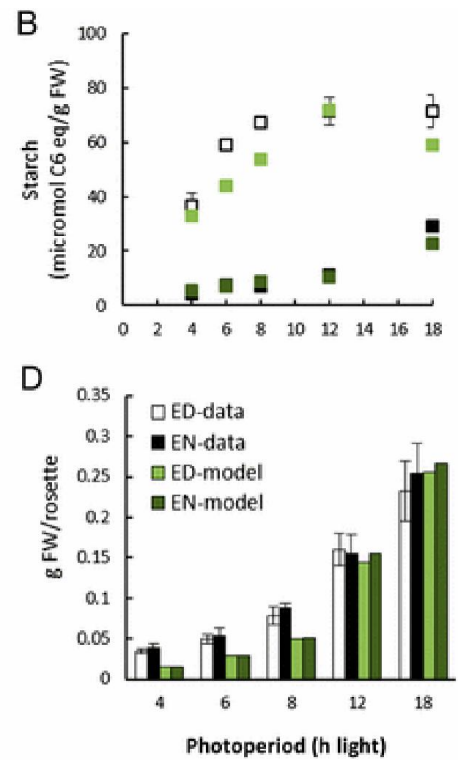
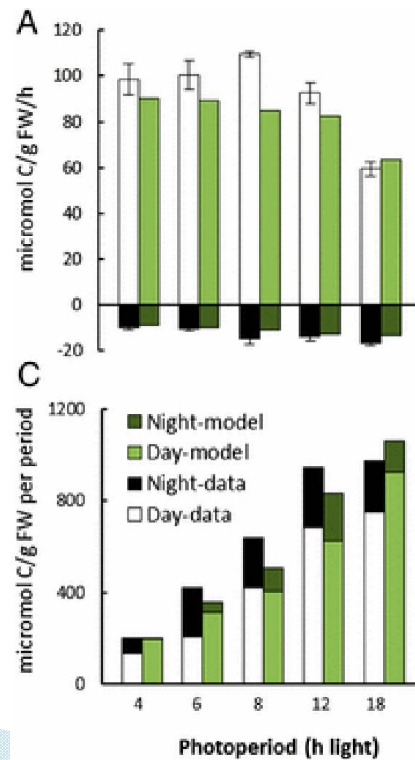
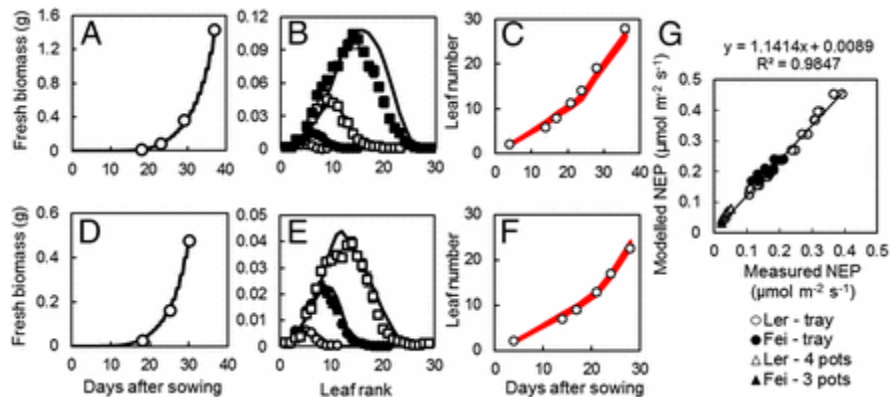
- ▶ 链接的四个模型,首先确定了基本变量( $s$ )从每个点可以作为连接点。介绍了新的链接和缩放因子,而冗余模型组件替换。单位转换所需的兼容性,和两个参数值从本次试验测量而得。124年的其他参数值被从原来的模型。

# 最终结果



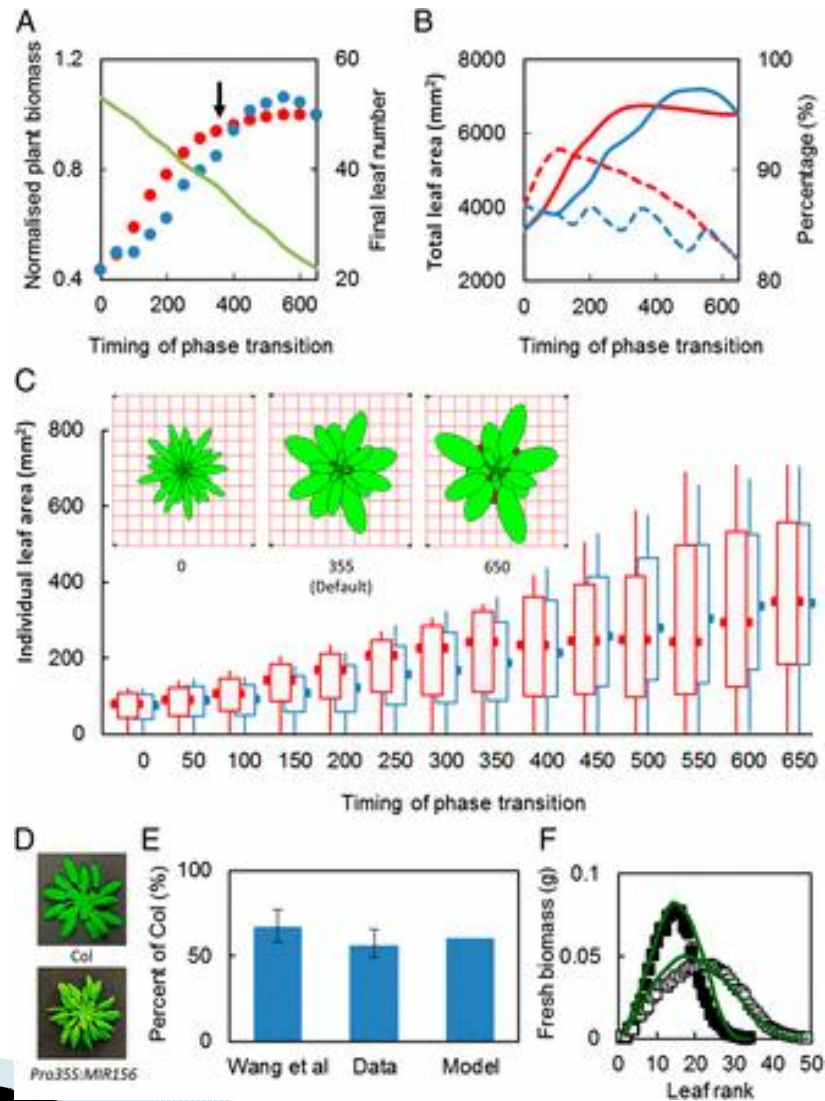
植物系统建模(PlaSMo)在线模型库 ([www.plasmo.ed.ac.uk](http://www.plasmo.ed.ac.uk))已经开发成一个共享门户网站发布相关模型从系统生物学和生态生理学。

# 模型验证





# 模型验证

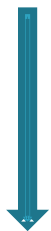


# 结果评价

- ▶ 在这个实验中模型略有低估了叶数量,造成最大的叶面积的增加基因型;尽管如此,模拟变异最大的叶仅达到65%的重量值,结果在实验范围内。

# 本文基本思路

新方法介绍

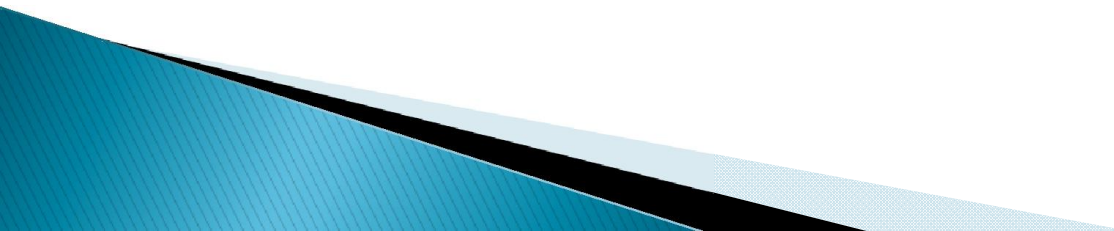


方法应用实例



新方法验证

# 总结

- ▶ 文章亮点：为系统生物学在生物学问题得研究上提供了新的思路，并且实现了部分想法。
  - ▶ 启发：有一个整体的视角来看待生物学问题会有很多新的发现。生物学现象是一个复杂的关联网络。
  - ▶ 改进之处：多个网络整合的通用性以及对于复杂网络的实用性还有待进一步的完善。
- 



The end

thanks

