

# Rassegna stampa

Prevedere il comportamento delle piante  
con un modello matematico

Gli articoli qui riportati sono da intendersi non riproducibili né pubblicabili da  
terze parti non espressamente autorizzate da Sapienza Università di Roma



SAPIENZA  
UNIVERSITÀ DI ROMA

a cura del settore Ufficio stampa e comunicazione

## Rassegna del 05-06-20

### COMUNICATO STAMPA

18/05/20 **UNIVERSITÀ SAPIENZA DI ROMA** 1 [Prevedere il comportamento delle piante con un modello matematico](#) ... 1

### SAPIENZA WEB

19/05/20 **ASKANEWS.IT** 1 [Ricerca, modello matematico predice il comportamento delle piante](#) ... 3

21/05/20 **REPUBBLICA.IT** 1 [Un nuovo modello matematico prevede il comportamento della pianta](#) ... 5

### SAPIENZA SITI MINORI WEB

19/05/20 **MAGAZINE.IMPACTSC OOL.COM** 1 [Un programma per capire le piante](#) ... 7

18/05/20 **VGLOBALE.IT** 1 [Un modello matematico prevede come sarà la pianta - Villaggio Globale](#) ... 9



## **Prevedere il comportamento delle piante con un modello matematico**

È uno dei pochi modelli computazionali che, riproducendo l'attività di diversi network genetici, è in grado di fare predizioni poi verificate in vivo. Lo studio, coordinato dal Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin della Sapienza in collaborazione con l'Università di Utrecht, è stato pubblicato sulla rivista *Developmental Cell*

La crescita di un organo è un processo articolato in cui l'attività delle cellule e dei tessuti che lo compongono deve essere finemente regolata per garantire una forma e una dimensione finale compatibili con la sua funzione. Ciò vale anche per i vegetali, dei quali sono ancora poco noti i meccanismi alla base della formazione di organi, quali radici, fusti e foglie.

Con le moderne tecnologie di analisi molecolare ad ampio spettro è stato possibile raccogliere negli ultimi anni un'enorme quantità di dati di rilevanza biologica, ma la possibilità di integrarli in un modello capace di predire il comportamento in funzione di alcuni parametri resta ancora molto limitata.

In un nuovo studio coordinato da Sabrina Sabatini del Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin della Sapienza, in collaborazione con il Dipartimento di Biologia computazionale dell'Università di Utrecht, è stato realizzato un modello computazionale in grado di riprodurre esattamente le fasi di crescita della radice di *Arabidopsis thaliana*. Integrando evidenze sperimentali con la biologia computazionale, il programma predice il comportamento della pianta in vivo e in diverse condizioni ambientali. Il lavoro è stato pubblicato sulla rivista *Developmental Cell*.

Per acquisire tali risultati, i ricercatori hanno identificato alcuni dei circuiti molecolari centrali nella crescita della radice, utilizzandoli poi come parametri per lo sviluppo del modello.

“Questo lavoro - spiega Sabrina Sabatini - è un esempio di come si può modellizzare un sistema regolativo complesso predicendone gli esiti a partire dai parametri chiave. L'utilizzo di un modello computazionale ci ha permesso di stabilire ad esempio come la proteina PLETHORA (PLT), che si trova in grandi quantità nella nicchia staminale della radice, venga



gradualmente diluita in seguito dell'attivazione della divisione cellulare e distribuita nelle cellule indifferenziate di nuova generazione, dove raggiunge livelli minimi di concentrazione”.

Da qui, i ricercatori hanno identificato i network attivi nel differenziamento cellulare e i loro meccanismi di funzionamento: come l'azione inibitoria reciproca di alcune molecole controlli il numero di cellule indifferenziate della radice e come tale processo venga interrotto, a 5 giorni dalla germinazione, da un ormone che favorisce il differenziamento e garantisca una crescita coerente dell'organo.

“Il nostro - conclude Sabatini - è uno dei pochi modelli dinamici che incorpora l'attività di diversi network genetici in grado di riprodurre in silico la crescita della radice, e potrà essere utilizzato per fare predizioni testabili sperimentalmente in vivo”.

#### Riferimenti:

*A self-organized *plt/auxin/arr-b* network controls the dynamics of root zonation development in *arabidopsis thaliana** - Elena Salvi, Jaap Rutten, Riccardo Di Mambro, Laura Polverari, Valerio Licursi, Rodolfo Negri, Raffaele Dello Ioio, Sabrina Sabatini & Kirsten Ten Tusscher - Developmental Cell DOI: <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2020.04.004>

## Info

Sabrina Sabatini  
Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin  
[sabrina.sabatini@uniroma1.it](mailto:sabrina.sabatini@uniroma1.it)

**RICERCA** Martedì 19 maggio 2020 - 11:39

# Ricerca, modello matematico predice il comportamento delle piante

Sapienza: possibile modellizzare un sistema regolativo complesso



Roma, 19 mag. (askanews) – La crescita di un organo è un processo articolato in cui l'attività delle cellule e dei tessuti che lo compongono deve essere finemente regolata per garantire una forma e una dimensione finale compatibili con la sua funzione. Ciò vale anche per i vegetali, dei quali sono ancora poco noti i meccanismi alla base della formazione di organi, quali radici, fusti e foglie. Con le moderne tecnologie di analisi molecolare ad ampio spettro è stato possibile raccogliere negli ultimi anni un'enorme quantità di dati di rilevanza biologica, ma la possibilità di integrarli in un modello capace di predire il comportamento in funzione di alcuni parametri resta ancora molto limitata.

In un nuovo studio coordinato da Sabrina Sabatini del Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin della Sapienza, in collaborazione con il Dipartimento di Biologia computazionale dell'Università di Utrecht, è stato realizzato un modello computazionale in grado di riprodurre esattamente le fasi di crescita della

radice di *Arabidopsis thaliana*.

Integrando evidenze sperimentali con la biologia computazionale, il programma predice il comportamento della pianta in vivo e in diverse condizioni ambientali. Il lavoro è stato pubblicato sulla rivista “Developmental Cell”.

Per acquisire tali risultati, i ricercatori hanno identificato alcuni dei circuiti molecolari centrali nella crescita della radice, utilizzandoli poi come parametri per lo sviluppo del modello.

“Questo lavoro – spiega Sabrina Sabatini – è un esempio di come si può modellizzare un sistema regolativo complesso predicendone gli esiti a partire dai parametri chiave. L’utilizzo di un modello computazionale ci ha permesso di stabilire ad esempio come la proteina PLETHORA (PLT), che si trova in grandi quantità nella nicchia staminale della radice, venga gradualmente diluita in seguito dell’attivazione della divisione cellulare e distribuita nelle cellule indifferenziate di nuova generazione, dove raggiunge livelli minimi di concentrazione”.

Da qui, i ricercatori hanno identificato i network attivi nel differenziamento cellulare e i loro meccanismi di funzionamento: come l’azione inibitoria reciproca di alcune molecole controlli il numero di cellule indifferenziate della radice e come tale processo venga interrotto, a 5 giorni dalla germinazione, da un ormone che favorisce il differenziamento e garantisca una crescita coerente dell’organo.

“Il nostro – conclude Sabatini – è uno dei pochi modelli dinamici che incorpora l’attività di diversi network genetici in grado di riprodurre in silico la crescita della radice, e potrà essere utilizzato per fare predizioni testabili sperimentalmente in vivo”.



# Scienze

HOME POLITICA ECONOMIA SPORT SPETTACOLI TECNOLOGIA MOTORI TUTTE LE SEZIONI ▾ D REP TV

## Un nuovo modello matematico prevede il comportamento della pianta



*Un modello computazionale in grado di riprodurre esattamente le fasi di crescita della radice di "Arabidopsis thaliana", pianta comunemente detta "arabetta", è stato messo a punto da un gruppo di ricercatori italo-olandesi*

ABBONATI A **Rep:**

21 maggio 2020

**ROMA** - In quanto tempo e come crescerà una pianta. Ce lo dice la matematica. Un modello computazionale in grado di riprodurre esattamente le fasi di crescita della radice di "Arabidopsis thaliana", pianta comunemente detta "arabetta" è stato messo a punto da un gruppo di ricercatori coordinato da **Sabrina Sabatini** del Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin dell'Università Sapienza di Roma, in collaborazione con il Dipartimento di Biologia computazionale dell'Università di Utrecht. I risultati sono stati pubblicati sulla rivista *Developmental Cell*. Integrando evidenze sperimentali con la biologia computazionale, il programma predice il comportamento della pianta in vivo e in diverse condizioni ambientali.

Per arrivare a questo traguardo i ricercatori hanno identificato alcuni dei circuiti molecolari centrali nella crescita della radice, utilizzandoli poi come parametri per lo sviluppo del modello. "Questo lavoro - spiega Sabatini - è un esempio di come si può modellizzare un sistema regolativo complesso predicendone gli esiti a partire dai parametri chiave. L'utilizzo di un modello computazionale ci ha permesso di stabilire ad esempio come la proteina Plethora (PLT), che si trova in grandi quantità nella nicchia staminale della radice, venga gradualmente diluita in seguito dell'attivazione della divisione cellulare e distribuita nelle cellule indifferenziate di nuova generazione, dove raggiunge livelli minimi di concentrazione".

Da qui, i ricercatori hanno identificato i network attivi nel differenziamento cellulare e i loro meccanismi di funzionamento: come l'azione inibitoria reciproca di alcune molecole controlli il numero di cellule indifferenziate della radice e come tale processo venga interrotto, a 5 giorni dalla germinazione, da un ormone che favorisce il differenziamento e garantisca una crescita coerente dell'organo. "Il nostro - conclude Sabatini - è uno dei pochi modelli dinamici che incorpora l'attività di diversi network genetici in grado di riprodurre in silicio la crescita della radice, e potrà essere utilizzato per fare predizioni testabili sperimentalmente in vivo".

SCIENZA E MEDICINA

## UN PROGRAMMA PER CAPIRE LE PIANTE

19 MAGGIO 2020 | SCRITTO DA LA REDAZIONE

Uno studio de [La Sapienza di Roma](#) ha portato alla creazione di un algoritmo in grado di fare previsioni sul comportamento delle piante



La crescita di un organo è un processo articolato in cui l'attività delle cellule e dei tessuti che lo compongono deve essere finemente regolata per garantire una forma e una dimensione funzionali. Ciò vale anche per i vegetali, dei quali sono ancora poco noti i meccanismi alla base della formazione di radici, fusti e foglie. Uno studio coordinato dal Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin [della Sapienza](#) in collaborazione con l'[Università di Utrecht](#), e pubblicato sulla rivista *Developmental Cell*, descrive la creazione di un modello matematico computazionali che, riproducendo l'attività di diversi network genetici, è in grado di fare previsioni poi verificate in vivo.

**Capire una pianta.** Con le moderne tecnologie di analisi molecolare è stato possibile raccogliere negli ultimi anni un'enorme quantità di dati di rilevanza biologica, ma la possibilità di integrarli in un modello capace di predire il comportamento in funzione di alcuni parametri resta ancora molto limitata. Sapere in anticipo se con determinate condizioni del terreno, dei fertilizzanti o d'innaffiamento la pianta possa crescere in maniera più o meno rigogliosa ha una rilevanza non da poco. Nello studio coordinato da Sabrina Sabatini del Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin [della Sapienza](#) è stato realizzato un modello computazionale in grado di riprodurre esattamente le fasi di crescita della radice di *Arabidopsis thaliana*, conosciuta anche come arabetta comune. Il programma è in grado di predire il comportamento della pianta in vivo e in diverse condizioni ambientali.

**La ricerca.** Per acquisire questi risultati, i ricercatori hanno identificato alcuni dei circuiti molecolari centrali nella crescita della radice, utilizzandoli poi come parametri per lo sviluppo del modello. "Questo lavoro – spiega Sabrina Sabatini – è un esempio di come si può modellizzare un sistema regolativo complesso predicendone gli esiti a partire dai parametri chiave. L'utilizzo di un modello computazionale ci ha permesso di stabilire ad esempio come la proteina PLETHORA (PLT), che si trova in grandi quantità nella nicchia staminale della radice, venga gradualmente diluita in seguito dell'attivazione della divisione cellulare e distribuita nelle cellule indifferenziate di nuova generazione, dove raggiunge livelli minimi di concentrazione".

I ricercatori hanno identificato successivamente le reti attive nel differenziamento cellulare e i loro meccanismi di funzionamento: come l'azione inibitoria reciproca di alcune molecole di controllo, il numero di cellule indifferenziate della radice e come tale processo

venga interrotto.

“Il nostro – conclude Sabatini – è uno dei pochi modelli dinamici che incorpora l'attività di diversi network genetici in grado di riprodurre in silicio (ovvero al computer) la crescita della radice, e potrà essere utilizzato per fare predizioni testabili sperimentalmente in vivo”.



### La redazione

[LEGGI TUTTO](#)



ISCRIVITI ALLA NEWSLETTER

ISCRIVITI



#### Impactscool Magazine

Direttore editoriale: Cristina Maria Roberta Pozzi, Amministratore delegato di Impactscool s.r.l. | Direttore responsabile: Thomas Ducato

Registrazione presso il Tribunale di Verona | Numero di registrazione testata N.2113 del 03.09.2018

©2020 Impactscool | P. IVA 04404610232 | Privacy Policy





ATTUALITÀ CULTURA CLIMA ENERGIA PIANETA ANIMALI OBIETTIVO PARCHI INQUINAMENTO TERRITORIO

AGRICOLTURA SOSTENIBILE ALTRO **TRIMESTRALE** E-BOOK ACCEDI

HOME > NEWS > LA SOCIETÀ DELLA CONOSCENZA > UN MODELLO MATEMATICO PREVEDE COME SARÀ LA PIANTA

NEWS LA SOCIETÀ DELLA CONOSCENZA

# Un modello matematico prevede come sarà la pianta

Di (Fonte [Università Sapienza](#)) - 18 Maggio 2020

 48

 Mi piace 15

**È uno dei pochi modelli computazionali che, riproducendo l'attività di diversi network genetici, è in grado di fare predizioni poi verificate in vivo. Lo studio, coordinato dal Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin [della Sapienza](#) in collaborazione con [l'Università di Utrecht](#)**

La crescita di un organo è un processo articolato in cui l'attività delle cellule e dei tessuti che lo compongono deve essere finemente regolata per garantire una forma e una dimensione finale compatibili con la sua funzione. Ciò vale anche per i vegetali, dei quali sono ancora poco noti i meccanismi alla base della formazione di organi, quali radici, fusti e foglie.

Con le moderne tecnologie di analisi molecolare ad ampio spettro è stato possibile raccogliere negli ultimi anni un'enorme quantità di dati di rilevanza biologica, ma la possibilità di integrarli in un modello capace di predire il comportamento in funzione di alcuni parametri resta ancora molto limitata.

In un nuovo studio coordinato da Sabrina Sabatini del Dipartimento di Biologia e biotecnologie Charles Darwin della Sapienza, in collaborazione con il Dipartimento di Biologia computazionale dell'Università di Utrecht, è stato realizzato un modello computazionale in grado di riprodurre esattamente le fasi di crescita della radice di *Arabidopsis thaliana*. Integrando evidenze sperimentali con la biologia computazionale, il programma predice il comportamento della pianta in vivo e in diverse condizioni ambientali. Il lavoro è stato pubblicato sulla rivista «Developmental Cell».

*Radice di «Arabidopsis thaliana» esprime il gene Plethora (in giallo) messa a confronto con il layout del modello matematico in cui una simulazione ha distribuito il gene Plethora (in bianco).*

Per acquisire tali risultati, i ricercatori hanno identificato alcuni dei circuiti molecolari centrali nella crescita della radice, utilizzando poi come parametri per lo sviluppo del modello.

«Questo lavoro — spiega Sabrina Sabatini — è un esempio di come si può modellizzare un sistema regolativo complesso predicendone gli esiti a partire dai parametri chiave. L'utilizzo di un modello computazionale ci ha permesso di stabilire ad esempio come la proteina Plethora (Plt), che si trova in grandi quantità nella nicchia staminale della radice, venga gradualmente diluita in seguito dell'attivazione della divisione cellulare e distribuita nelle cellule indifferenziate di nuova generazione, dove raggiunge livelli minimi di concentrazione».

Da qui, i ricercatori hanno identificato i *network* attivi nel differenziamento cellulare e i loro meccanismi di funzionamento: come l'azione inibitoria reciproca di alcune molecole controlli il numero di cellule indifferenziate della radice e come tale processo venga interrotto, a 5 giorni dalla germinazione, da un ormone che favorisce il differenziamento e garantisca una crescita coerente dell'organo.

«Il nostro — conclude Sabatini — è uno dei pochi modelli dinamici che incorpora l'attività di diversi *network* genetici in grado di riprodurre *in silico* la crescita della radice, e potrà essere



utilizzato per fare predizioni testabili sperimentalmente *in vivo*».

## Riferimenti

A self-organized plt/auxin/arr-b network controls the dynamics of root zonation development in arabidopsis thaliana – Elena Salvi, Jaap Rutten, Riccardo Di Mambro, Laura Polverari, Valerio Licursi, Rodolfo Negri, Raffaele Dello Ioio, Sabrina Sabatini & Kirsten Ten Tusscher – Developmental Cell <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2020.04.004>

(Fonte [Università Sapienza, Roma](#))

TAGS SVILUPPO RADICI PIANTINI MODELLO MATEMATICO