



بخشی از ترجمه مقاله

عنوان فارسی مقاله :

مدل سازی پتری نت شبکه های زیستی

عنوان انگلیسی مقاله :

Petri net modelling of biological networks



توجه !

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل با فرمت ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.



بخشی از ترجمه مقاله

DISCUSSION

This brief overview emphasizes the effectiveness of PNs for the modelling, analysis and simulation of molecular networks. Increasing use of PN-based models for biological networks can be explained by their underlying graphical representation, their suitability to model concurrent distributed systems, their well-founded mathematical theory and the availability of dedicated tools (cf. Table 1). A series of biological applications have been already developed, using purely qualitative to sophisticated HPN formalisms. These different modelling approaches led to different kinds of analyses, from structural analyses to pure simulations, from qualitative results to quantitative ones. We have seen that PN modelling of metabolic reactions is relatively intuitive. It is less natural for gene interactions (activation or inhibition) or signal transduction, which imply regulatory interactions rather than consumptions/productions. However, extended arcs (inhibitor and test arcs) and CPNs provide a convenient representation of such interactions. As for HPNs, they support the representation of a wide range of molecular mechanisms.

بحث

مرور خلاصه ای از اثر بخشی PN ها برای مدلسازی، آنالیز و شبیه سازی شبکه های مولکولی مورد تاکید قرار میگیرد. افزایش استفاده از مدل های مبتنی بر PN، برای شبکه های زیستی میتواند با نمایش گرافیکی زیربنایی شان، مناسب بودنشان برای سیستم های توزیع شده ی همزمان، تئوری ریاضیاتی کاملا مجهز و دسترسی ابزارهای اختصاصی شرح داده شود (جدول 1). سری های کاربردهای زیستی از قبل توسعه یافته اند، با استفاده از صورت گرایی HPN کاملا کیفی گرفته تا پیچیده. این دستاوردهای مدلسازی مختلف به انواع مختلف تحلیل ها منتهی میشود از تحلیل های ساختاری گرفته تا شبیه سازی های خالص، از نتایج کیفی گرفته تا نتایج کمی. ما دیده ایم مدلسازی PN واکنشهای متابولیک، نسبتا شناختی است. آن برای تعاملات ژنی کمتر طبیعی است (فعالسازی یا بازداری) یا هدایت سیگنالی که به معنی تعاملات نظم دهنده نسبت به مصارف یا تولیدات است. با این وجود، کمان های توسعه یافته (کمان های بازدارنده و تست) و CPN ها که یک نمایش مناسب را از چنین تعاملاتی ارائه میدهد. همانند HPN هایی که آنها از نمایش یک طیف گسترده از مکانیسم های مولکولی حمایت میکنند.



توجه!

این فایل تنها قسمتی از ترجمه میباشد. برای تهیه مقاله ترجمه شده کامل با فرمت ورد (قابل ویرایش) همراه با نسخه انگلیسی مقاله، [اینجا](#) کلیک نمایید.

برای جستجوی جدیدترین مقالات ترجمه شده، [اینجا](#) کلیک نمایید.