

Results for ModRev v1.1 under stable state observations using ASP for function search with 600s time limit

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,036	0,028	0	0,035	0,030	0	0,044	0,037	0	0,019	0,016	0	0,031	0,031	0
25	0	0	0	0,043	0,041	0	0,057	0,056	0	0,054	0,053	0	0,022	0,016	0	0,047	0,047	0
50	0	0	0	0,055	0,045	0	0,084	0,083	0	0,067	0,064	0	0,030	0,027	0	0,076	0,076	0
100	0	0	0	0,073	0,058	0	0,138	0,136	0	0,102	0,099	0	0,041	0,035	0	0,133	0,129	0
0	5	0	0	0,352	0,051	7	30,018	0,686	2	0,137	0,041	0	0,049	0,014	0	3,900	0,046	5
0	10	0	0	1,919	0,098	19	66,462	21,577	18	0,238	0,056	0	1,099	0,034	0	18,742	0,099	9
0	15	0	0	4,567	0,157	31	86,897	32,201	28	0,312	0,090	0	4,198	0,064	0	34,991	0,187	14
0	20	0	0	8,014	0,186	43	99,264	34,315	54	0,407	0,127	0	9,901	0,108	2	41,761	0,235	20
0	25	0	0	10,355	0,378	49	108,946	43,391	65	0,445	0,599	0	20,201	0,183	2	54,127	0,597	27
0	50	0	0	26,150	10,956	82	515,652	515,652	99	0,700	0,713	0	130,428	79,366	20	124,088	1,606	55
0	75	0	0	16,091	0,409	97			100	1,001	0,874	0	227,534	221,829	82	150,014	21,866	85
0	0	1	0	0,171	0,034	6	1,845	0,034	4	2,826	0,031	0	0,014	0,010	0	1,235	0,018	3
0	0	5	0	0,427	0,049	14	4,638	1,192	15	12,044	0,038	0	0,016	0,011	0	3,537	0,371	7
0	0	10	0	0,833	0,091	20	10,554	2,526	25	14,046	0,061	0	0,018	0,011	0	3,665	0,414	10
0	0	15	0	0,895	0,109	27	11,126	3,037	30	20,102	5,329	0	0,018	0,011	0	5,458	0,807	11
0	0	0	1	0,584	0,036	0	22,019	0,451	23	5,589	0,101	0	0,048	0,011	0	0,411	0,050	13
0	0	0	5	22,414	0,383	5	107,806	6,329	76	70,951	3,268	57	0,628	0,036	1	60,581	0,590	68
0	0	0	10	25,627	3,169	18	377,806	416,840	97	4,400	4,400	98	4,749	0,227	3	133,721	16,471	93
0	0	0	15	53,629	3,522	34			100			100	7,255	0,281	7			100
25	5	0	0	0,169	0,057	11	18,438	0,289	5	0,163	0,063	0	0,042	0,025	0	0,833	0,066	7
50	25	0	0	13,936	0,767	31	123,227	86,083	65	0,589	0,302	0	31,957	0,229	3	23,477	0,419	24
100	50	0	0	33,740	7,280	69	229,134	269,408	93	0,874	0,941	0	97,079	39,688	30	44,347	2,021	56
5	25	5	5	11,651	0,806	53	142,766	62,721	97	33,351	2,712	82	39,836	0,610	14	86,067	10,743	72
10	10	5	5	7,927	0,490	33	108,483	31,067	87	37,640	3,872	76	7,178	0,124	7	62,835	1,868	69

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.0724391s)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 under stable state observations using C++ for function search with 600s time limit

F (%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,021	0,021	0	0,022	0,022	0	0,032	0,033	0	0,010	0,011	0	0,014	0,014	0
25	0	0	0	0,021	0,022	0	0,022	0,023	0	0,031	0,032	0	0,011	0,011	0	0,014	0,014	0
50	0	0	0	0,021	0,021	0	0,023	0,024	0	0,033	0,034	0	0,011	0,010	0	0,014	0,014	0
100	0	0	0	0,021	0,021	0	0,026	0,027	0	0,034	0,035	0	0,010	0,009	0	0,015	0,015	0
0	5	0	0	9,922	0,023	5	2,368	0,030	1	0,032	0,033	0	0,011	0,008	0	3,184	0,016	5
0	10	0	0	23,355	0,026	15	10,703	0,195	6	0,033	0,034	0	0,019	0,012	0	21,346	0,015	7
0	15	0	0	49,343	0,030	23	19,322	0,290	10	0,034	0,034	0	0,256	0,013	0	42,021	0,018	9
0	20	0	0	67,822	0,030	34	28,865	0,988	16	0,034	0,035	0	6,141	0,015	0	50,489	0,022	12
0	25	0	0	82,597	0,034	39	33,039	1,093	20	0,035	0,035	0	6,566	0,019	0	78,785	0,023	17
0	50	0	0	60,904	2,621	80	100,783	20,569	67	0,038	0,038	0	33,729	0,960	1	90,984	0,571	22
0	75	0	0	119,655	3,647	96	32,784	19,486	96	0,040	0,041	0	114,468	110,227	38	53,441	0,955	10
0	0	1	0	0,026	0,023	6	0,179	0,023	0	0,041	0,033	0	0,010	0,009	0	0,019	0,015	3
0	0	5	0	0,243	0,023	13	0,435	0,030	0	0,065	0,034	0	0,010	0,009	0	0,122	0,017	7
0	0	10	0	0,243	0,023	17	0,711	0,165	0	0,061	0,031	0	0,010	0,008	0	0,221	0,020	10
0	0	15	0	0,742	0,024	18	0,759	0,129	0	0,085	0,055	0	0,010	0,009	0	0,266	0,020	11
0	0	0	1	0,043	0,024	0	2,673	0,035	11	0,053	0,036	0	0,010	0,009	0	2,702	0,017	2
0	0	0	5	7,533	0,046	0	24,186	16,020	36	31,402	0,959	29	3,559	0,012	0	27,395	1,375	40
0	0	0	10	21,785	0,146	6	69,102	21,879	87	146,019	47,995	87	3,919	0,016	0	93,597	25,672	72
0	0	0	15	35,451	0,213	12	216,824	216,824	99			100	6,247	0,020	0	183,331	261,087	97
25	5	0	0	23,203	0,025	6	2,913	0,029	1	0,034	0,034	0	0,011	0,010	0	6,270	0,018	6
50	25	0	0	76,736	0,034	20	30,432	1,183	31	0,037	0,037	0	4,807	0,022	0	57,293	0,023	6
100	50	0	0	185,835	7,146	51	87,609	31,990	54	0,044	0,044	0	32,196	2,097	3	59,685	1,604	20
5	25	5	5	42,181	0,219	36	87,096	28,554	86	16,517	0,387	61	8,092	0,035	5	61,837	1,302	46
10	10	5	5	34,585	0,045	16	29,215	6,134	64	29,280	1,854	35	0,839	0,016	2	33,992	1,252	42

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.0724391s)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 under stable state observations using C++ for function search with 3600s time limit

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,021	0,021	0	0,022	0,022	0	0,032	0,033	0	0,010	0,011	0	0,014	0,014	0
25	0	0	0	0,021	0,022	0	0,022	0,023	0	0,031	0,032	0	0,011	0,011	0	0,014	0,014	0
50	0	0	0	0,021	0,022	0	0,023	0,024	0	0,033	0,034	0	0,011	0,010	0	0,014	0,014	0
100	0	0	0	0,021	0,021	0	0,026	0,027	0	0,034	0,035	0	0,010	0,009	0	0,015	0,015	0
0	5	0	0	47,043	0,023	0	2,368	0,030	1	0,032	0,033	0	0,011	0,008	0	58,700	0,016	0
0	10	0	0	139,205	0,027	0	10,703	0,195	6	0,033	0,034	0	0,019	0,012	0	94,927	0,015	0
0	15	0	0	222,487	0,033	0	71,062	0,306	7	0,034	0,034	0	0,256	0,013	0	134,074	0,019	0
0	20	0	0	326,316	4,652	0	93,628	1,072	12	0,034	0,035	0	6,141	0,015	0	171,773	0,026	0
0	25	0	0	407,593	141,571	0	137,763	1,960	15	0,035	0,035	0	6,566	0,019	0	243,159	0,273	0
0	50	0	0	954,266	721,056	0	544,176	224,736	50	0,038	0,038	0	44,685	1,121	0	297,434	32,711	0
0	75	0	0	1517,655	1405,030	0	1089,124	803,081	85	0,040	0,041	0	458,875	208,973	0	134,983	0,992	0
0	0	1	0	0,026	0,023	6	0,179	0,023	0	0,041	0,033	0	0,010	0,009	0	0,019	0,015	3
0	0	5	0	0,243	0,023	13	0,435	0,030	0	0,065	0,034	0	0,010	0,009	0	0,122	0,017	7
0	0	10	0	0,243	0,023	17	0,711	0,165	0	0,067	0,036	0	0,010	0,008	0	0,221	0,020	10
0	0	15	0	0,742	0,024	18	0,759	0,129	0	0,085	0,055	0	0,010	0,009	0	0,266	0,020	11
0	0	0	1	0,043	0,024	0	21,869	0,035	10	0,053	0,036	0	0,010	0,009	0	2,702	0,017	2
0	0	0	5	7,533	0,046	0	115,744	16,053	33	46,981	0,977	28	3,559	0,012	0	27,395	1,375	40
0	0	0	10	36,869	0,148	5	638,044	133,642	80	573,929	197,227	83	3,919	0,016	0	382,495	71,815	65
0	0	0	15	118,670	0,227	7	710,902	710,902	98			100	6,247	0,020	0	1269,273	263,372	95
25	5	0	0	68,623	0,026	0	2,913	0,029	1	0,034	0,034	0	0,011	0,010	0	68,511	0,018	0
50	25	0	0	282,054	0,786	0	157,226	2,582	21	0,037	0,037	0	4,807	0,022	0	105,260	0,024	0
100	50	0	0	893,875	603,361	1	381,256	53,331	43	0,044	0,044	0	59,727	2,689	0	192,706	32,738	0
5	25	5	5	402,601	0,456	19	1174,075	454,305	73	563,139	1,004	51	38,369	0,035	4	313,578	2,456	37
10	10	5	5	57,412	0,047	13	619,409	31,409	49	368,948	12,989	25	0,839	0,016	2	209,292	1,561	36

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439ls)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 5 observations with 20 time-steps under synchronous dynamics

F (%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,370	0,351	0	0,671	0,493	0	0,590	0,570	0	0,678	0,384	0	0,999	0,493	0
25	0	0	0	0,363	0,344	0	1,002	0,515	0	0,624	0,584	0	0,709	0,398	0	1,531	0,503	0
50	0	0	0	0,362	0,341	0	1,193	0,539	0	0,626	0,591	0	1,884	0,407	0	1,988	0,520	0
100	0	0	0	0,323	0,318	0	1,910	0,605	0	0,643	0,605	0	2,768	0,428	0	4,428	0,518	0
0	5	0	0	151,053	0,424	0	23,263	0,766	8	47,559	0,564	0	228,281	0,648	22	4,097	0,499	0
0	10	0	0	253,263	0,756	2	57,879	0,989	19	68,883	0,562	0	345,673	1,008	29	7,193	0,548	0
0	15	0	0	611,574	237,375	5	84,908	13,335	25	94,456	0,604	0	527,698	439,478	43	11,809	0,758	0
0	20	0	0	783,316	471,110	9	99,780	26,613	36	128,838	0,654	0	573,800	445,633	56	13,864	0,796	0
0	25	0	0	1006,330	475,483	9	122,234	37,737	44	130,726	0,660	0	534,667	446,348	67	14,399	11,818	0
0	50	0	0	1687,878	1233,490	40	193,176	226,468	81	202,630	0,808	0	1714,987	1641,190	89	30,699	27,519	0
0	75	0	0	2078,331	2537,190	76	847,240	318,779	90	163,514	1,684	0	2237,030	2237,030	99	50,794	54,019	0
0	0	1	0	173,969	0,396	18	54,214	0,781	14	0,648	0,603	3	431,983	0,655	16	0,597	0,512	24
0	0	5	0	145,952	0,395	32	83,629	9,822	44	2,917	0,813	9	551,071	3,315	36	6,150	0,553	40
0	0	10	0	153,948	0,487	35	133,729	15,615	53	4,433	1,403	11	511,235	4,946	54	3,220	0,739	61
0	0	15	0	126,155	0,669	39	333,519	31,110	66	23,010	2,304	20	599,740	5,961	60	18,754	0,830	69
0	0	0	1	0,428	0,361	0	14,984	0,810	32	6,370	1,587	0	12,066	0,648	23	15,936	1,632	12
0	0	0	5	22,332	0,432	1	133,954	22,878	77	1221,388	533,617	80	65,005	1,156	38	230,699	7,779	69
0	0	0	10	63,957	0,851	9	1008,229	465,962	97			100	200,018	67,062	60	265,610	31,696	97
0	0	0	15	166,218	2,918	18			100			100	194,446	57,615	82			100
25	5	0	0	94,188	0,355	0	28,089	0,818	11	40,823	0,561	0	141,176	0,645	24	6,133	0,500	0
50	25	0	0	839,938	471,929	9	85,660	25,524	51	168,599	0,597	0	784,962	546,629	72	20,355	10,356	0
100	50	0	0	1546,241	1380,905	22	211,082	84,279	81	478,367	1,104	0	1217,415	1216,500	91	27,788	11,010	0
5	25	5	5	1088,608	471,932	56	1081,923	500,249	97	1783,888	1453,270	95	1141,617	1071,785	92	924,193	88,985	88
10	10	5	5	436,920	0,699	39	851,979	381,668	93	685,947	115,152	87	1094,204	788,874	74	474,074	16,871	80

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439Is)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 5 observations with 20 time-steps under asynchronous dynamics

F (%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,360	0,364	0	0,720	0,716	0	1,178	1,176	0	0,478	0,456	0	0,738	0,759	0
25	0	0	0	0,388	0,391	0	0,847	0,842	0	1,333	1,264	0	0,538	0,522	0	0,660	0,658	0
50	0	0	0	0,331	0,325	0	0,873	0,867	0	1,299	1,256	0	0,557	0,563	0	0,673	0,668	0
100	0	0	0	0,380	0,379	0	0,879	0,868	0	1,345	1,282	0	0,541	0,535	0	0,743	0,759	0
0	5	0	0	0,323	0,322	0	6,187	0,730	11	1,269	1,257	0	61,182	0,455	0	18,001	0,707	0
0	10	0	0	0,388	0,394	0	10,169	0,811	16	1,277	1,262	0	57,531	0,459	0	29,299	0,661	0
0	15	0	0	0,324	0,323	0	13,352	0,721	19	1,307	1,231	0	79,133	0,526	0	46,003	0,746	0
0	20	0	0	0,375	0,372	0	21,426	0,740	21	1,331	1,254	0	105,594	0,551	0	58,479	0,769	0
0	25	0	0	0,378	0,380	0	25,786	0,751	23	1,216	1,189	0	143,171	0,567	0	64,816	0,756	0
0	50	0	0	0,325	0,324	0	45,411	66,075	47	1,368	1,399	0	169,802	1,510	0	109,437	192,373	0
0	75	0	0	0,399	0,406	0	34,285	0,752	53	1,227	1,232	0	208,205	380,063	0	149,614	192,066	0
0	0	1	0	0,332	0,314	0	0,808	0,813	0	1,227	1,225	0	0,526	0,531	0	0,746	0,757	0
0	0	5	0	0,335	0,316	0	0,806	0,833	0	1,240	1,217	0	0,409	0,412	0	0,771	0,794	0
0	0	10	0	0,281	0,281	0	0,652	0,651	0	1,332	1,261	0	0,447	0,449	0	0,635	0,641	0
0	0	15	0	0,306	0,303	0	0,642	0,641	0	1,505	1,202	0	0,435	0,430	0	0,756	0,770	0
0	0	0	1	0,346	0,330	0	0,863	0,874	0	1,310	1,281	0	0,548	0,557	0	0,678	0,677	0
0	0	0	5	0,328	0,326	0	0,866	0,852	0	1,637	1,620	0	0,451	0,455	0	0,821	0,812	0
0	0	0	10	0,332	0,327	0	0,928	0,911	0	1,831	1,829	0	0,449	0,457	0	0,881	0,864	0
0	0	0	15	0,339	0,327	0	1,098	1,095	0	2,386	2,335	0	0,457	0,458	0	0,954	0,956	0
25	5	0	0	0,362	0,340	0	2,538	0,812	16	1,333	1,374	0	65,377	0,466	0	10,911	0,764	0
50	25	0	0	0,347	0,332	0	18,151	0,808	29	1,234	1,231	0	133,995	0,552	0	26,010	0,764	0
100	50	0	0	0,342	0,320	0	35,533	25,566	48	1,260	1,255	0	204,460	2,266	0	31,338	0,771	0
5	25	5	5	0,340	0,329	0	9,619	0,814	8	1,465	1,466	0	106,669	0,453	0	18,783	0,803	0
10	10	5	5	0,347	0,340	0	7,513	0,852	6	1,459	1,452	0	66,831	0,461	0	10,250	0,779	0

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.0724391s)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 5 observations with 3 time-steps under synchronous dynamics

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,034	0,034	0	0,047	0,043	0	0,079	0,075	0	0,036	0,034	0	0,539	0,049	0
25	0	0	0	0,036	0,036	0	0,060	0,053	0	0,082	0,076	0	0,035	0,034	0	1,124	0,052	0
50	0	0	0	0,038	0,038	0	0,061	0,052	0	0,092	0,087	0	0,039	0,039	0	1,523	0,049	0
100	0	0	0	0,034	0,034	0	0,496	0,062	0	0,095	0,088	0	0,041	0,039	0	3,984	0,051	0
0	5	0	0	149,036	0,052	0	6,982	0,052	8	47,528	0,082	0	277,263	0,047	0	3,961	0,052	0
0	10	0	0	250,899	0,155	2	23,743	0,070	19	68,926	0,089	0	401,233	0,149	0	7,538	0,054	0
0	15	0	0	609,957	233,752	5	34,089	0,294	25	155,237	0,083	0	587,550	22,387	2	11,938	0,122	0
0	20	0	0	784,269	466,990	9	31,369	0,494	36	254,787	0,086	0	659,563	441,555	2	14,479	0,140	0
0	25	0	0	1004,311	468,244	9	40,917	0,515	44	273,838	0,104	0	769,427	484,609	5	13,759	7,217	0
0	50	0	0	1712,721	1269,560	39	84,042	86,718	81	551,012	1,178	0	1359,549	1261,060	22	31,704	29,349	0
0	75	0	0	2072,776	2505,265	76	790,819	193,801	90	807,193	667,769	0	2324,141	2616,250	65	49,879	51,357	0
0	0	1	0	290,335	0,048	12	44,465	0,054	7	0,097	0,085	3	358,055	0,042	6	0,391	0,053	18
0	0	5	0	282,751	0,068	25	60,434	0,127	28	2,515	0,147	6	537,688	0,571	18	0,863	0,076	31
0	0	10	0	337,528	0,242	27	148,221	1,995	35	2,258	0,319	8	574,117	1,548	32	3,584	0,225	44
0	0	15	0	468,393	0,536	25	228,163	8,817	33	14,432	0,600	11	580,600	4,103	30	11,624	1,528	46
0	0	0	1	0,105	0,043	0	62,692	0,113	20	4,616	0,387	0	5,811	0,042	13	26,934	0,144	13
0	0	0	5	5,227	0,075	1	278,937	35,142	68	1119,846	608,474	79	17,177	0,107	28	173,428	3,903	61
0	0	0	10	33,375	0,424	8	138,024	95,579	94			100	68,031	4,704	42	563,541	24,332	95
0	0	0	15	150,653	1,753	16			100			100	99,678	53,101	67			100
25	5	0	0	93,504	0,040	0	4,408	0,055	11	52,813	0,077	0	161,307	0,042	0	5,855	0,048	0
50	25	0	0	861,516	467,008	8	45,736	2,157	51	222,688	0,112	0	838,546	575,054	9	20,738	6,490	0
100	50	0	0	1563,853	1378,030	21	92,662	98,487	80	660,699	0,868	0	1492,257	1367,830	22	27,360	9,100	0
5	25	5	5	1072,227	468,463	45	862,258	539,042	89	1709,468	2305,500	93	792,369	49,447	62	975,991	348,559	81
10	10	5	5	508,984	0,338	30	409,681	45,839	80	540,447	105,732	85	841,158	441,759	48	473,617	25,765	74

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439ls)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 5 observations with 3 time-steps under asynchronous dynamics

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,039	0,036	0	0,064	0,061	0	0,094	0,093	0	0,042	0,041	0	0,060	0,060	0
25	0	0	0	0,039	0,039	0	0,065	0,062	0	0,107	0,105	0	0,041	0,041	0	0,064	0,060	0
50	0	0	0	0,038	0,038	0	0,068	0,064	0	0,092	0,095	0	0,044	0,043	0	0,063	0,059	0
100	0	0	0	0,040	0,038	0	0,071	0,065	0	0,094	0,094	0	0,046	0,044	0	0,063	0,060	0
0	5	0	0	0,041	0,040	0	0,065	0,060	0	0,095	0,094	0	0,045	0,042	0	0,062	0,059	0
0	10	0	0	0,040	0,040	0	0,065	0,059	0	0,100	0,094	0	0,046	0,045	0	0,065	0,060	0
0	15	0	0	0,042	0,039	0	0,065	0,059	0	0,100	0,093	0	0,043	0,043	0	0,061	0,060	0
0	20	0	0	0,043	0,042	0	0,067	0,062	0	0,103	0,095	0	0,045	0,043	0	0,062	0,059	0
0	25	0	0	0,042	0,040	0	0,065	0,060	0	0,099	0,093	0	0,043	0,042	0	0,062	0,059	0
0	50	0	0	0,043	0,045	0	0,062	0,060	0	0,095	0,093	0	0,042	0,043	0	0,060	0,059	0
0	75	0	0	0,044	0,046	0	0,063	0,061	0	0,091	0,093	0	0,045	0,043	0	0,061	0,060	0
0	0	1	0	0,041	0,043	0	0,061	0,059	0	0,102	0,095	0	0,044	0,043	0	0,060	0,058	0
0	0	5	0	0,040	0,039	0	0,061	0,059	0	0,100	0,096	0	0,041	0,039	0	0,059	0,057	0
0	0	10	0	0,039	0,039	0	0,060	0,059	0	0,093	0,090	0	0,037	0,037	0	0,058	0,057	0
0	0	15	0	0,038	0,038	0	0,060	0,057	0	0,099	0,094	0	0,037	0,037	0	0,059	0,058	0
0	0	0	1	0,041	0,043	0	0,060	0,060	0	0,107	0,105	0	0,044	0,042	0	0,062	0,060	0
0	0	0	5	0,040	0,039	0	0,064	0,063	0	0,118	0,116	0	0,044	0,043	0	0,069	0,067	0
0	0	0	10	0,039	0,039	0	0,067	0,065	0	0,122	0,118	0	0,040	0,040	0	0,073	0,071	0
0	0	0	15	0,038	0,038	0	0,071	0,067	0	0,149	0,141	0	0,047	0,045	0	0,079	0,077	0
25	5	0	0	0,040	0,039	0	0,063	0,061	0	0,093	0,093	0	0,041	0,040	0	0,060	0,058	0
50	25	0	0	0,041	0,040	0	0,065	0,063	0	0,104	0,101	0	0,045	0,043	0	0,061	0,059	0
100	50	0	0	0,039	0,037	0	0,065	0,064	0	0,104	0,100	0	0,042	0,041	0	0,061	0,060	0
5	25	5	5	0,038	0,038	0	0,062	0,061	0	0,118	0,115	0	0,043	0,042	0	0,068	0,066	0
10	10	5	5	0,038	0,037	0	0,062	0,060	0	0,117	0,115	0	0,041	0,041	0	0,068	0,066	0

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439ls)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 1 observation with 20 time-steps under synchronous dynamics

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,039	0,038	0	0,053	0,053	0	0,077	0,077	0	0,041	0,041	0	0,048	0,048	0
25	0	0	0	0,039	0,038	0	0,058	0,055	0	0,087	0,084	0	0,046	0,045	0	0,052	0,052	0
50	0	0	0	0,040	0,039	0	0,060	0,058	0	0,089	0,086	0	0,046	0,044	0	0,056	0,053	0
100	0	0	0	0,037	0,036	0	0,062	0,061	0	0,088	0,082	0	0,047	0,047	0	0,052	0,052	0
0	5	0	0	96,888	0,043	0	4,004	0,056	8	0,088	0,082	0	0,529	0,048	17	39,995	0,050	0
0	10	0	0	163,402	0,047	1	16,397	0,058	17	0,089	0,081	0	1,605	0,056	22	89,338	0,050	0
0	15	0	0	416,589	0,046	6	31,769	0,072	22	0,078	0,078	0	2,303	0,119	33	146,347	0,052	0
0	20	0	0	615,862	0,050	8	61,152	0,117	27	0,080	0,079	0	3,741	0,256	45	166,272	0,051	0
0	25	0	0	886,890	0,066	7	69,062	0,496	34	0,079	0,079	0	6,952	0,596	55	177,135	0,055	0
0	50	0	0	1819,381	2794,790	33	148,705	89,330	57	0,085	0,081	0	143,000	5,894	89	174,941	0,244	0
0	75	0	0	2100,315	2895,305	72	164,466	135,169	78	0,097	0,091	0			100	77,679	0,406	0
0	0	1	0	75,810	0,040	4	43,729	0,053	5	0,086	0,087	0	23,074	0,045	9	0,062	0,055	4
0	0	5	0	78,203	0,039	7	99,426	0,077	16	0,132	0,101	0	104,979	0,150	20	0,401	0,058	6
0	0	10	0	132,960	0,043	9	141,165	0,121	25	0,403	0,159	0	136,136	0,371	25	1,029	0,076	6
0	0	15	0	81,180	0,047	10	150,323	0,270	22	0,525	0,196	2	182,249	0,429	33	2,426	0,098	8
0	0	0	1	0,042	0,041	0	1,833	0,054	15	0,121	0,114	0	8,397	0,042	23	8,005	0,056	10
0	0	0	5	0,495	0,042	1	29,533	0,254	51	53,774	2,330	46	56,059	0,061	38	48,181	0,147	61
0	0	0	10	2,171	0,050	1	78,696	25,807	86	1393,524	687,870	97	75,595	42,328	60	109,368	10,559	91
0	0	0	15	4,547	0,098	5	382,194	264,173	97			100	77,182	43,474	81			100
25	5	0	0	70,675	0,042	0	26,203	0,073	9	0,095	0,103	0	1,609	0,049	19	26,555	0,051	0
50	25	0	0	817,436	0,070	5	94,040	0,259	33	0,099	0,105	0	8,858	0,334	58	66,763	0,054	0
100	50	0	0	1399,972	1336,210	25	154,106	51,303	62	0,088	0,088	0	73,219	17,333	93	63,983	0,073	0
5	25	5	5	842,780	0,263	21	471,031	54,254	71	637,716	18,367	49	361,661	1,888	84	273,179	14,663	63
10	10	5	5	352,805	0,052	7	315,138	16,055	62	316,313	4,493	31	232,008	0,366	63	211,942	2,191	62

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439ls)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 1 observation with 20 time-steps under asynchronous dynamics

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,043	0,042	0	0,068	0,066	0	0,103	0,099	0	0,044	0,044	0	0,068	0,066	0
25	0	0	0	0,043	0,043	0	0,070	0,068	0	0,109	0,103	0	0,045	0,044	0	0,066	0,065	0
50	0	0	0	0,044	0,043	0	0,075	0,072	0	0,106	0,102	0	0,045	0,044	0	0,068	0,066	0
100	0	0	0	0,043	0,043	0	0,080	0,077	0	0,111	0,106	0	0,046	0,045	0	0,070	0,068	0
0	5	0	0	0,046	0,044	0	4,589	0,067	0	0,103	0,102	0	0,049	0,052	0	15,886	0,069	0
0	10	0	0	0,044	0,043	0	6,898	0,066	0	0,101	0,100	0	0,050	0,053	0	28,345	0,063	0
0	15	0	0	0,047	0,045	0	9,987	0,067	0	0,098	0,099	0	0,049	0,051	0	43,387	0,068	0
0	20	0	0	0,047	0,045	0	13,204	0,066	0	0,105	0,102	0	0,048	0,046	0	57,357	0,070	0
0	25	0	0	0,046	0,044	0	15,366	0,067	0	0,104	0,101	0	0,051	0,053	0	62,039	0,070	0
0	50	0	0	0,045	0,044	0	25,974	0,071	0	0,101	0,100	0	0,049	0,045	0	100,914	186,534	0
0	75	0	0	0,046	0,045	0	18,331	0,069	0	0,104	0,102	0	0,049	0,050	0	142,218	186,557	0
0	0	1	0	0,042	0,042	0	0,076	0,076	0	0,109	0,103	0	0,047	0,049	0	0,071	0,070	0
0	0	5	0	0,041	0,039	0	0,068	0,065	0	0,114	0,107	0	0,046	0,044	0	0,070	0,068	0
0	0	10	0	0,040	0,039	0	0,068	0,064	0	0,118	0,103	0	0,043	0,041	0	0,066	0,065	0
0	0	15	0	0,040	0,039	0	0,068	0,064	0	0,121	0,110	0	0,042	0,040	0	0,073	0,068	0
0	0	0	1	0,046	0,045	0	0,070	0,067	0	0,104	0,098	0	0,047	0,044	0	0,073	0,068	0
0	0	0	5	0,043	0,042	0	0,077	0,073	0	0,121	0,112	0	0,046	0,043	0	0,076	0,072	0
0	0	0	10	0,044	0,043	0	0,080	0,075	0	0,140	0,131	0	0,045	0,044	0	0,085	0,079	0
0	0	0	15	0,044	0,042	0	0,079	0,078	0	0,171	0,162	0	0,045	0,043	0	0,093	0,088	0
25	5	0	0	0,045	0,043	0	2,251	0,070	0	0,102	0,104	0	0,048	0,046	0	7,596	0,067	0
50	25	0	0	0,044	0,043	0	13,274	0,072	0	0,105	0,103	0	0,049	0,047	0	22,635	0,068	0
100	50	0	0	0,045	0,043	0	25,018	0,083	0	0,106	0,105	0	0,050	0,049	0	20,979	0,069	0
5	25	5	5	0,043	0,041	0	7,976	0,073	0	0,130	0,123	0	0,047	0,044	0	17,800	0,071	0
10	10	5	5	0,043	0,042	0	6,033	0,066	0	0,125	0,121	0	0,047	0,046	0	9,566	0,073	0

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.0724391s)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 1 observation with 3 time-steps under synchronous dynamics

F (%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,018	0,017	0	0,020	0,020	0	0,028	0,027	0	0,017	0,017	0	0,019	0,019	0
25	0	0	0	0,017	0,017	0	0,019	0,019	0	0,027	0,027	0	0,015	0,015	0	0,020	0,020	0
50	0	0	0	0,015	0,015	0	0,020	0,020	0	0,027	0,027	0	0,015	0,015	0	0,019	0,018	0
100	0	0	0	0,014	0,014	0	0,024	0,023	0	0,028	0,029	0	0,015	0,016	0	0,022	0,022	0
0	5	0	0	0,016	0,015	0	3,528	0,020	8	0,025	0,025	0	0,023	0,016	0	52,331	0,019	0
0	10	0	0	32,696	0,016	1	12,514	0,022	17	0,027	0,026	0	0,028	0,016	0	118,095	0,020	0
0	15	0	0	204,054	0,018	4	22,451	0,025	22	0,027	0,027	0	0,033	0,017	0	195,096	0,019	0
0	20	0	0	270,141	0,019	4	49,032	0,034	27	0,028	0,028	0	0,042	0,020	0	232,137	0,020	0
0	25	0	0	413,535	0,020	6	52,541	0,248	34	0,028	0,027	0	0,045	0,021	0	253,376	0,020	0
0	50	0	0	1030,686	1,157	22	99,348	30,521	57	0,029	0,029	0	0,069	0,053	0	310,312	51,220	0
0	75	0	0	1553,580	38,097	51	142,784	131,089	78	0,030	0,029	0	0,115	0,110	0	193,844	71,303	0
0	0	1	0	121,292	0,016	0	45,325	0,020	5	0,027	0,026	0	0,115	0,015	0	0,025	0,021	4
0	0	5	0	87,129	0,014	0	100,318	0,023	16	0,044	0,032	0	0,130	0,016	0	0,163	0,022	6
0	0	10	0	163,747	0,016	0	138,886	0,040	25	0,105	0,048	0	0,134	0,019	0	0,475	0,033	6
0	0	15	0	198,759	0,015	0	152,480	0,196	22	0,162	0,068	0	0,261	0,030	0	0,849	0,049	8
0	0	0	1	0,015	0,014	0	1,862	0,021	15	0,029	0,027	0	10,838	0,016	5	7,401	0,019	9
0	0	0	5	0,047	0,015	0	21,484	0,208	51	36,112	1,721	43	75,168	0,026	14	43,346	0,166	54
0	0	0	10	4,800	0,018	0	71,403	23,909	86	1347,743	569,305	97	45,886	0,044	29	159,511	21,006	88
0	0	0	15	9,484	0,028	0	388,199	382,488	96			100	128,785	1,348	46	1097,470	1097,470	99
25	5	0	0	21,222	0,016	0	20,986	0,021	9	0,025	0,025	0	0,026	0,018	0	29,325	0,020	0
50	25	0	0	374,014	0,023	3	62,301	0,086	33	0,029	0,028	0	0,049	0,023	0	87,167	0,021	0
100	50	0	0	1220,268	0,883	1	127,912	38,497	61	0,032	0,031	0	0,135	0,097	0	125,006	0,027	0
5	25	5	5	388,430	0,042	11	520,266	42,913	69	460,220	9,251	35	130,099	0,078	16	363,380	20,947	51
10	10	5	5	184,262	0,019	2	311,957	15,437	59	248,863	4,322	24	88,873	0,041	18	229,340	0,822	58

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439Is)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>

Results for ModRev v1.2.3 with 1 observation with 3 time-steps under asynchronous dynamics

(%)				FY			SP			TCR			MCC			Th		
F	E	R	A	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved	Avg. (s)	Med. (s)	#Unsolved
5	0	0	0	0,016	0,016	0	0,021	0,021	0	0,027	0,027	0	0,016	0,016	0	0,021	0,021	0
25	0	0	0	0,016	0,016	0	0,021	0,022	0	0,028	0,030	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
50	0	0	0	0,016	0,016	0	0,022	0,022	0	0,028	0,029	0	0,017	0,017	0	0,021	0,022	0
100	0	0	0	0,016	0,015	0	0,023	0,023	0	0,028	0,028	0	0,017	0,016	0	0,021	0,021	0
0	5	0	0	0,016	0,016	0	0,020	0,021	0	0,028	0,029	0	0,017	0,016	0	0,019	0,020	0
0	10	0	0	0,016	0,016	0	0,021	0,021	0	0,027	0,028	0	0,017	0,016	0	0,020	0,020	0
0	15	0	0	0,016	0,016	0	0,021	0,021	0	0,028	0,028	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
0	20	0	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0	0,027	0,028	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
0	25	0	0	0,016	0,016	0	0,021	0,021	0	0,027	0,027	0	0,017	0,016	0	0,020	0,020	0
0	50	0	0	0,017	0,017	0	0,021	0,021	0	0,028	0,029	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
0	75	0	0	0,017	0,016	0	0,021	0,021	0	0,028	0,030	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
0	0	1	0	0,016	0,016	0	0,020	0,021	0	0,028	0,029	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
0	0	5	0	0,015	0,015	0	0,020	0,021	0	0,028	0,029	0	0,015	0,015	0	0,019	0,019	0
0	0	10	0	0,015	0,015	0	0,020	0,020	0	0,028	0,028	0	0,015	0,015	0	0,020	0,020	0
0	0	15	0	0,015	0,015	0	0,020	0,020	0	0,028	0,028	0	0,015	0,015	0	0,020	0,020	0
0	0	0	1	0,016	0,016	0	0,021	0,021	0	0,029	0,030	0	0,016	0,016	0	0,020	0,020	0
0	0	0	5	0,016	0,016	0	0,022	0,022	0	0,034	0,034	0	0,016	0,016	0	0,021	0,022	0
0	0	0	10	0,017	0,017	0	0,023	0,023	0	0,039	0,040	0	0,017	0,016	0	0,023	0,023	0
0	0	0	15	0,017	0,017	0	0,024	0,024	0	0,047	0,046	0	0,017	0,016	0	0,024	0,025	0
25	5	0	0	0,016	0,016	0	0,021	0,022	0	0,029	0,028	0	0,017	0,016	0	0,020	0,020	0
50	25	0	0	0,016	0,016	0	0,022	0,022	0	0,028	0,028	0	0,016	0,016	0	0,020	0,021	0
100	50	0	0	0,016	0,016	0	0,023	0,024	0	0,029	0,029	0	0,017	0,017	0	0,021	0,021	0
5	25	5	5	0,016	0,016	0	0,022	0,022	0	0,034	0,033	0	0,016	0,016	0	0,022	0,022	0
10	10	5	5	0,015	0,015	0	0,022	0,022	0	0,033	0,033	0	0,016	0,016	0	0,021	0,022	0

Corruption parameters

F (%) - Probability of changing a function
E (%) - Probability of changing the sign of an edge
R (%) - Probability of removing a regulator
A (%) - Probability of adding a regulator

Models

FY - Fission Yeast (doi:10.1371/journal.pone.0001672)
SP - Segment Polarity (doi:10.1387/ijdb.072439ls)
TCR - TCR Signalisation (doi:10.1186/1471-2105-7-56)
MCC - Mammalian Cell cycle (doi:10.1093/bioinformatics/btl210)

Avg. (s) - Average time in seconds of solved instances
Med. (s) - Median time in seconds of solved instances
#Unsolved - Number of unsolved instances (out of 100) considering a time limit of 3600 seconds and a memory limit of 2GB

ModRev is a Model Revision tool for Boolean logical models of biological regulatory networks available at <https://filipegouveia.github.io/ModelRevisionASP/>