

```

install.packages('BoolNet') #instalar el paquete, solo se tiene que hacer una vez
library(BoolNet) # Llamarlo a nuestra sesión
data(cellcycle) # Cargar datos de prueba que vienen con la instalación del paquete
cellcycle
attractors <- getAttractors(cellcycle) # Calcular los atractores
par( mfrow=c(1,2) ) # hacer un espacio de 1 fila y 2 columnas en el área de plot
plotAttractors(attractors)
plotAttractors(attractors, mode="graph")

newnet <- fixGenes(cellcycle, "Rb", 0) # Esta es una delección de Rb
newnet # es la nueva red con Rb deletado
getAttractors(newnet)
newnet2 <- fixGenes(newnet, 1, 1) # es una tercera red con Rb deletado y CycD
sobreexpresado
getAttractors(newnet2)

```

