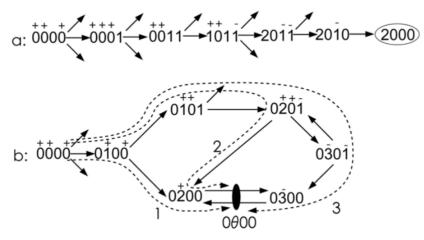
## 1 Bassins d'attraction et attracteurs du modèle du phage lambda

Le modèle du phage lambda est un réseau biologique constitué de 4 gènes : CI, Cro, CII et N. Chaque gène est représenté par un automate, automate ayant respectivement 3, 4, 2 et 2 états. On peut construire un réseau de 6 automates booléens équivalent à ce réseau, où les automates CI et Cro sont réprésentés par deux automates chacun. Il est connu [ref] que ce réseau possède deux attracteurs, dits lytique et lysogénique, qui correspondent chacun à mode de fonctionnement du phage. Ces attracteurs sont représentés sur la figure 1. En considérant les états dans l'ordre  $\{CI, CII, Cro, N\}$ , ces attracteurs correspondent aux états 2000 et 0/2-3/00 (resp. lysogénique et lytique).



Source: Taken from Thieffry (1993, p.138)

FIGURE 1 – Attracteurs du réseau du phage lambda

On utilise notre méthode pour détecter les bassins du réseau booléen équivalent à 6 automates. On traduit ensuite ces résultats dans le cadre du réseau original. Les bassins minimaux trouvés sont alors les suivants :  $20^{**}$  et 0[2-3]00. Remarque: notre algorithme trouve des bassins où les automates sont constants, or on trouve ici un automate (Cro) variant entre les états 2 et 3. Cela est dû au fait qu'on a représenté l'automate à 4 états par deux automates à 2 états, et la traduction d'un de ces deux automates étant constant donne ce résultat. On remarquera que c'est ici un avantage.

On observe qu'on trouve exactement le cycle lytique comme étant un bassin minimal. Pour ce qui est du cycle lysogénique, on en trouve un sur-bassin où les deux derniers automates sont encore libres. Cela illustre le fait que notre méthode n'est pas exhaustive : on ne trouve pas le dernier sous-bassin. Evidemment, notre méthode est plus adaptée aux grands réseaux dans lesquels une

recherche exhaustive est exclue. Cependant, on observe que même sur un très petit réseau comme celui-ci, on obtient tout de même un des attracteurs et un sur-bassin du deuxième.