

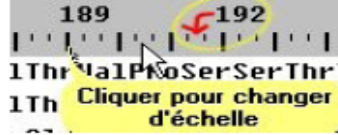
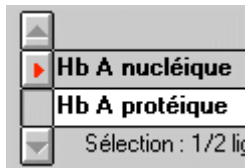


VISUALISATION DE MOLECULES AVEC RASTOP

Barre de menu		Quelques détails des menus
		<p>Afficher la molécule sélectionnée «Fichier / ouvrir» ou «Fichier charger un fichier de molécules» :</p> <p>Imprimer la molécule affichée ou celle qui est sélectionnée : «Fichier / Imprimer»</p> <p>Sélectionner ou modifier l'affichage : «Éditer/ sélectionner/Expression» : même fonction que l'éditeur de commande</p> <p>Fixer le diamètre des sphères : «Atomes/Représentation/rayon fixe»</p> <p>Afficher la molécule en ruban, sous la forme du squelette carboné notamment : «Rubans»</p> <p>Afficher plusieurs molécules si plusieurs fichiers ont été ouverts: «Fenêtres/Mosaïque».</p>
Sélection et choix de la représentation de la partie sélectionnée dans la fenêtre active		Informations sur les molécules
	avec l'éditeur de commandes	avec les pictogrammes de choix
<p>Sélectionner :</p> <p>* l'ensemble des chaînes affichées dans la fenêtre (permet aussi d'annuler toute sélection plus serrée)</p> <p>*L la chaîne L</p> <p>114 l'acide aminé n° 114 de toutes les chaînes</p> <p>20-75 les acides aminés du n°20 au n°75</p> <p>*L,*H les chaînes L et H</p> <p>*L and 20-75 les acides aminés de 20 à 75 de la chaîne L.</p>		<p> Sélectionner 1 atome en cliquant dessus</p> <p> Sélectionner 1 chaîne</p> <p> Afficher ce qui est sélectionné, cliquer pour revenir à l'affichage standard</p>
<p> avec la palette de couleurs</p> <p>Choisir une couleur qui affectera la sélection ou une couleur de fond (choisir fond blanc pour l'impression).</p>		<p style="text-align: center;">avec les pictogrammes «affichage»</p> <p> Sphères : afficher la sélection sous forme de sphères</p> <p> Rubans : afficher la sélection sous la forme d'un ruban</p> <p>ZOOM : shift tenu, bouton gauche de la souris enfoncé, avancer la souris : Zoom avant</p>
Observation d'une molécule en profondeur		
<p>L'icône « front» et les deux flèches juxtaposées à droite assurent un déplacement en avant et en arrière de la molécule par rapport à l'écran.</p>		

COMPARAISON - CONVERSION AVEC ANAGENE Version 2

Les icônes de la barre d'outils																		Numérotation des éléments d'une séquence		
<div style="background-color: #e0e0e0; padding: 2px; border: 1px solid black; font-size: 0.8em; margin-bottom: 5px;"> Fichier Edition Traiter Options Fenêtre Aide </div> 																				Echelle de repérage des nucléotides
<div style="display: flex; justify-content: space-between; font-size: 0.8em;"> 123456789101112131415161718 </div>																				Echelle de repérage des acides aminés Attention au décalage des numéros
<ol style="list-style-type: none"> 1. Banque de séquences 2. Thèmes d'étude 3. Programmes et documents 4. Voir le classeur 5. Enregistrer 6. Imprimer 7. Couper 						<ol style="list-style-type: none"> 8. Copier 9. Coller 10. Effacer 11. Convertir les séquences 12. Comparer les séquences 13. Action enzymatique 						<ol style="list-style-type: none"> 14. Graphique de ressemblance 15. Information sur ligne pointée 16. Code génétique 17. Grand curseur 18. Fermer toutes les fenêtres 						<p>Cliquer sur l'échelle pour passer de l'échelle des nucléotides à celle des acides aminés.</p>		
Utiliser le curseur																				
<p>Surligner pour sélectionner la partie de la séquence choisie. Cliquer sur l'icône « grand curseur ».</p>																				
Bulles d'aide																				
<p>Une bulle d'aide s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris</p>																				
Editer une séquence									Sélectionner une séquence											
<p>Sélectionner cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Banque de séquences • Thèmes d'étude • Programmes et documents <p>ou par «Fichier / Ouvrir / sauve»</p>									 <p>Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences. La flèche rouge indique la ligne pointée, sur laquelle il est possible d'obtenir des informations et que l'on peut déplacer à l'aide des flèches grises, haut - bas.</p>											
Convertir une séquence									Comparer des séquences											
<p>Menu «traiter / convertir ces séquences». Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.</p>									<p>ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier.</p> <p>Menu «traiter / comparer les séquences» ou «convertir ces séquences».</p> <p>Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.</p> <p>La comparaison des séquences ne peut se faire que sur des séquences de même nature. Les flèches grises haut-bas permettent de placer la séquence de référence.</p> <p>Deux comparaisons possibles :</p> <ul style="list-style-type: none"> • <u>La comparaison par alignement</u> permet de comparer avec discontinuité, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s), les valeurs affichées sont des ressemblances (identités), • <u>La comparaison simple</u> permet de comparer point par point des séquences sans aucun alignement, les valeurs affichées sont des différences. 											
Informations sur la ou les séquence(s) sélectionnée(s)																				
<p>Menu «informations / sur la ligne pointée» pour obtenir des informations sur la sélection : soit d'une ligne, soit de toutes les lignes en cliquant d'abord devant « traitement ».</p> <p><i>Attention : les pourcentages obtenus portent soit sur des différences soit sur des ressemblances.</i></p>																				
Créer des séquences																				
<p>Menu «Fichier / créer». Choisir le type de séquence et le nommer. Taper ou choisir dans la fenêtre d'«édition de séquences», votre séquence.</p>																				