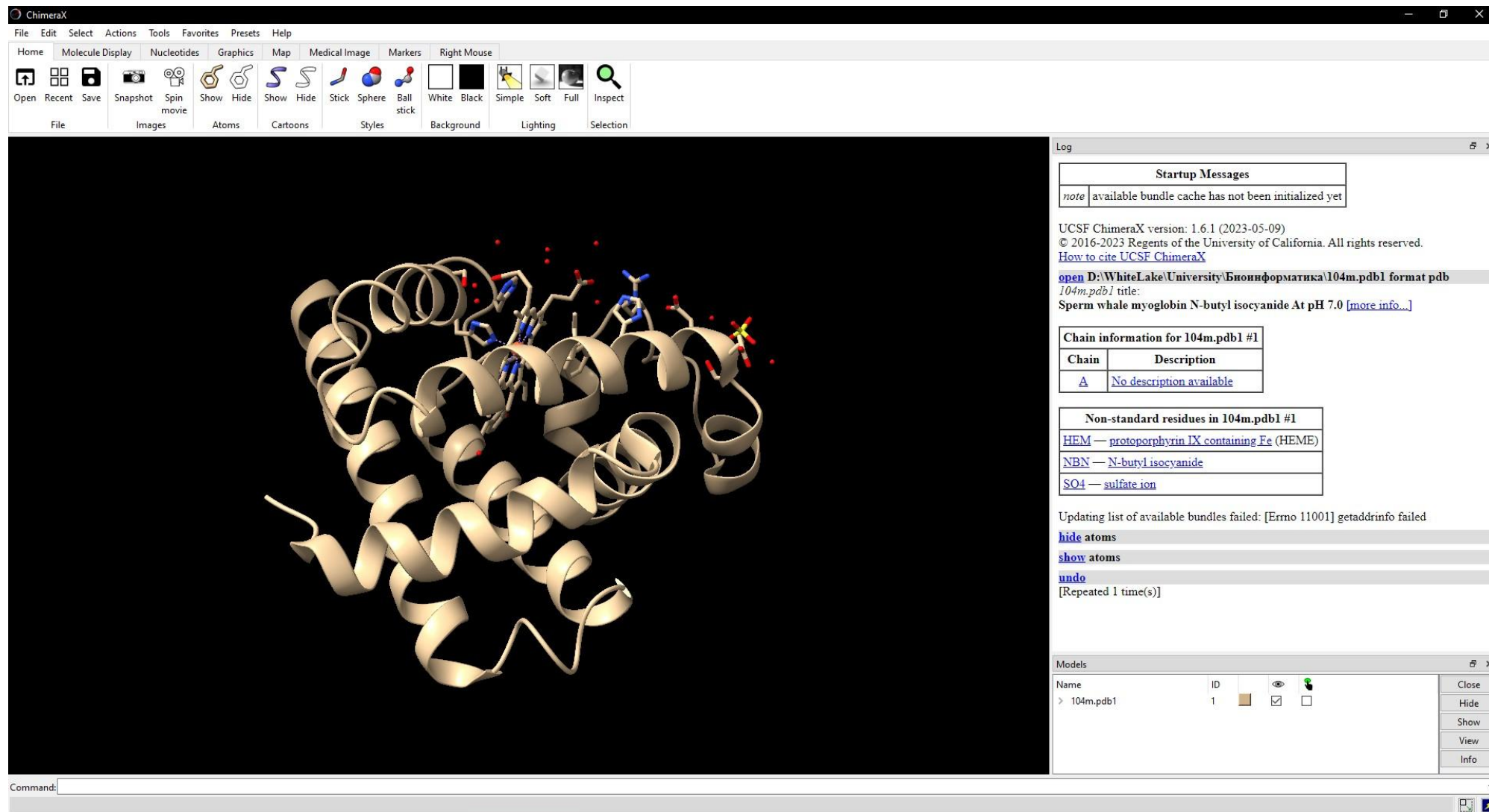
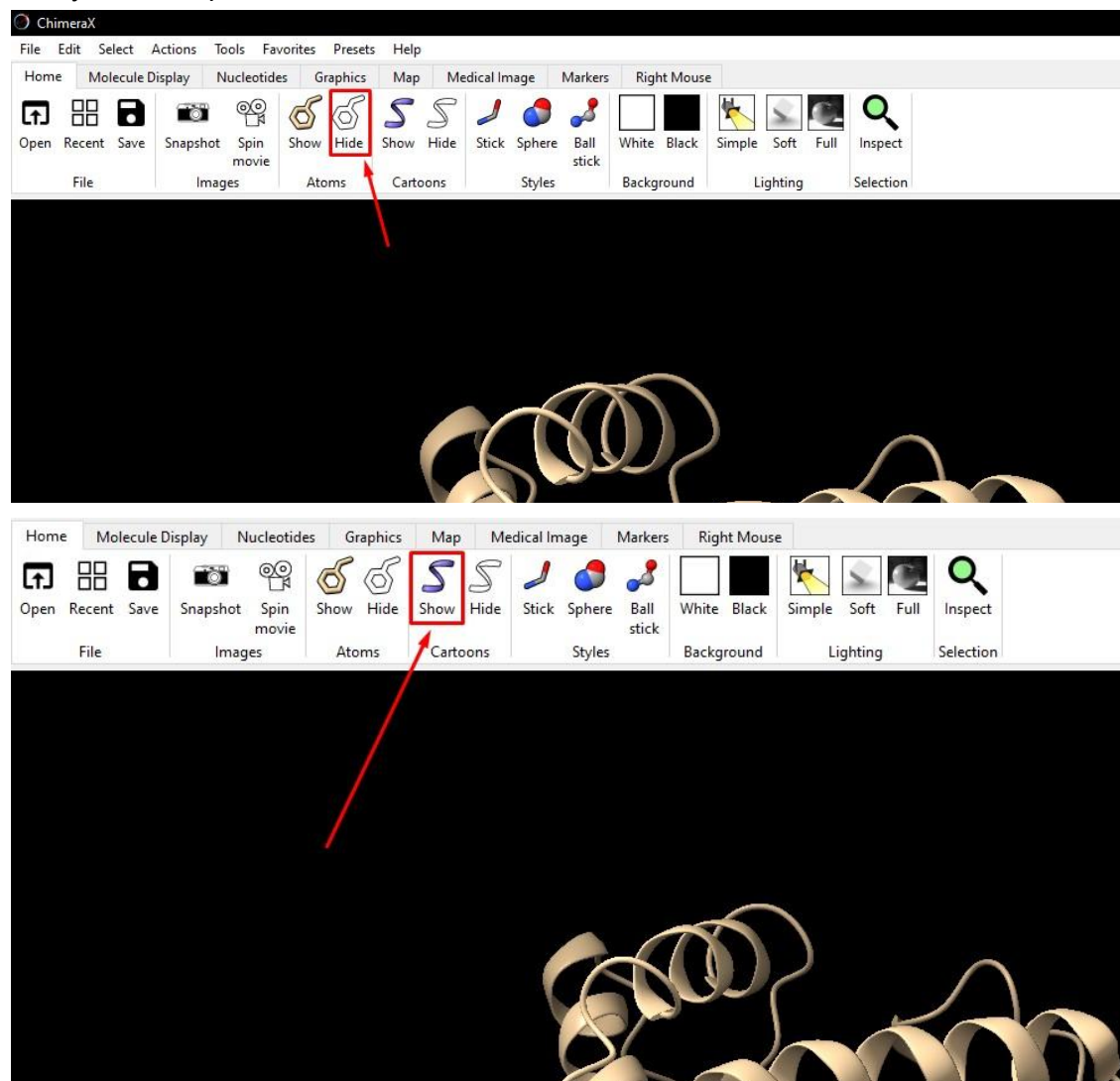


(Все приведенные ниже ссылки следуют рассматривать через VPN)

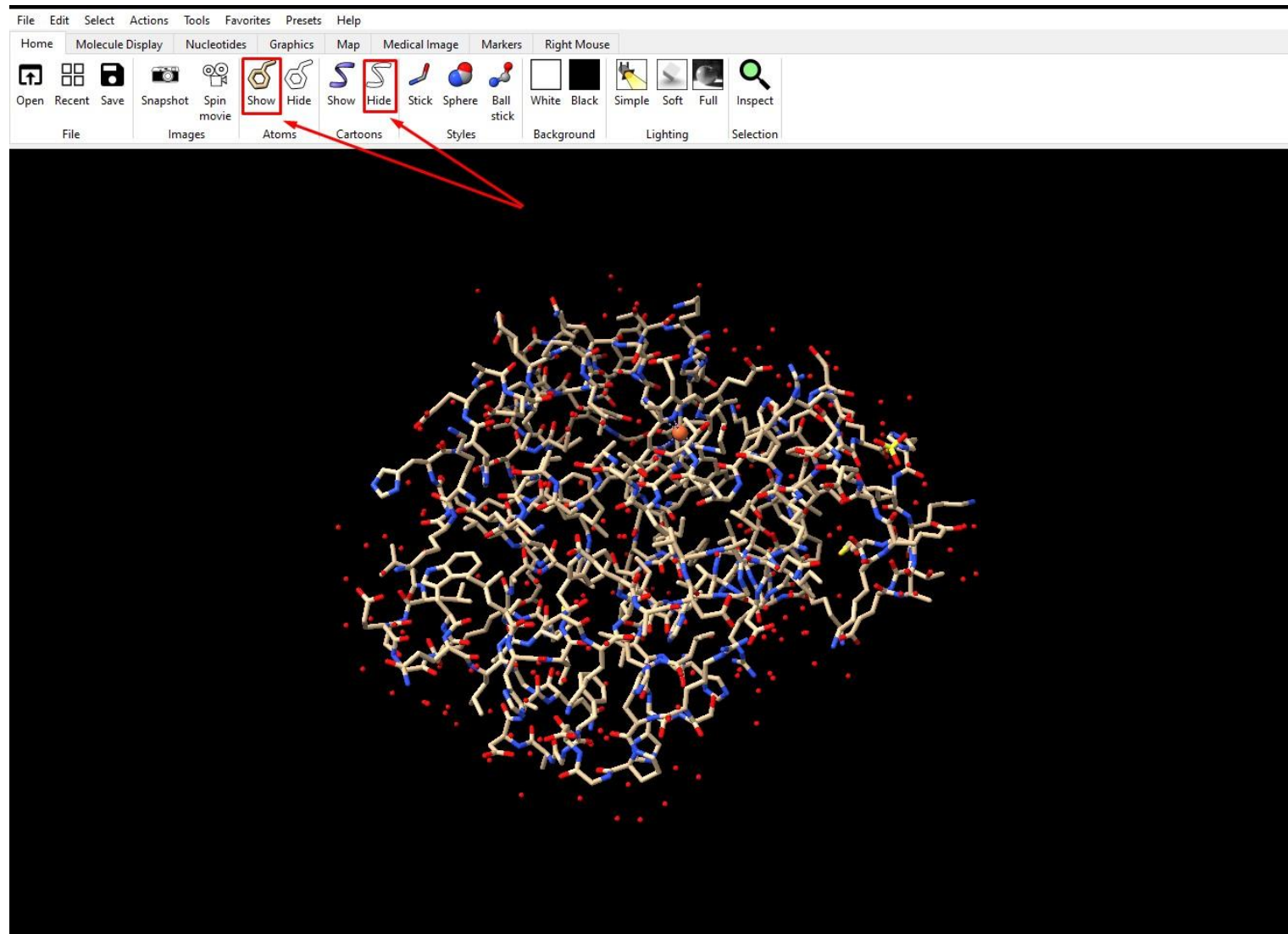
Вот что видит пользователь, попадая в приложение и выбрав нужный файл через функцию “Open”:



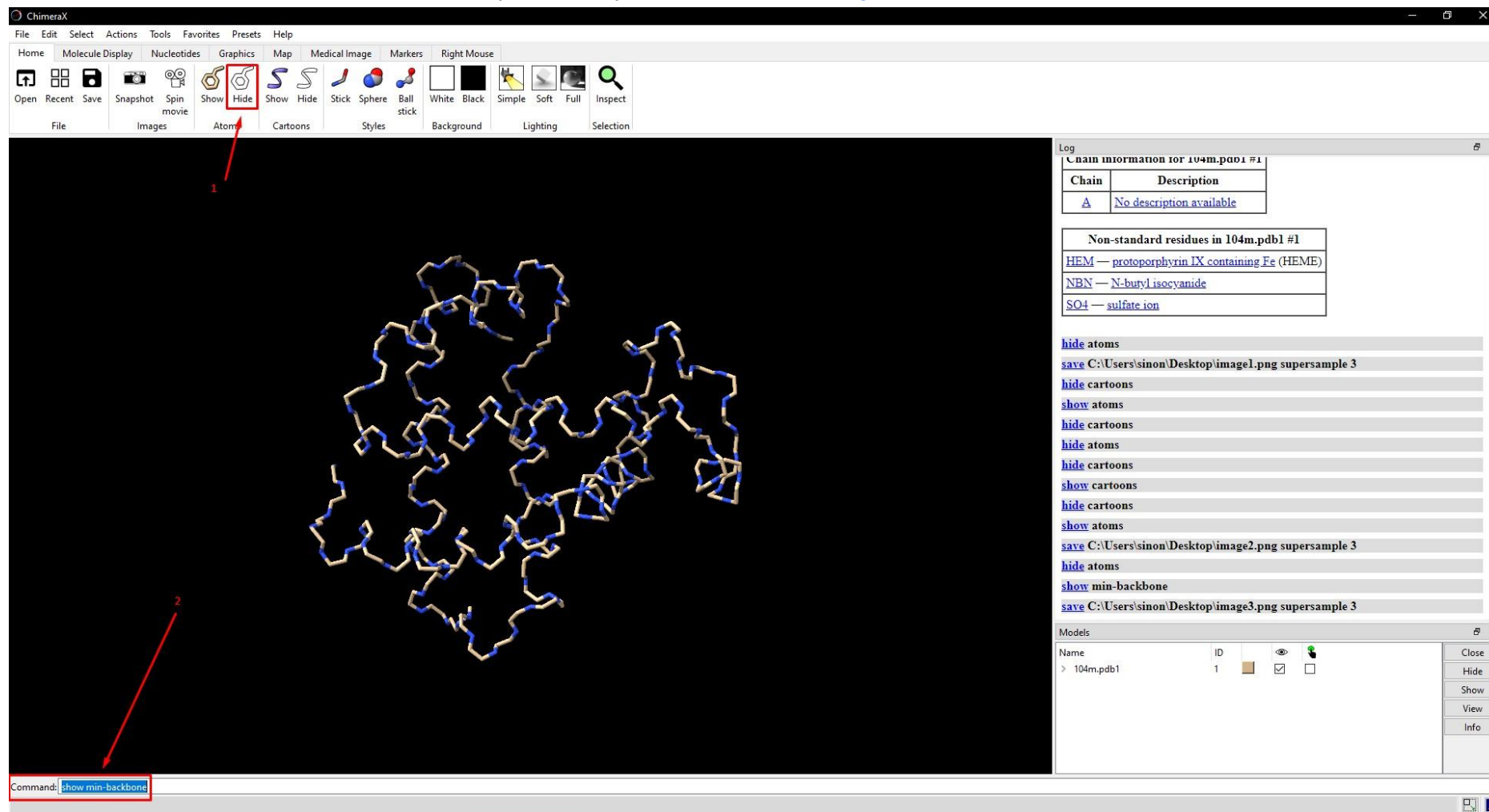
Чтобы получить отображение “Ribbons”, необходимо скрыть отображение атомов и (для уверенности) отобразить “Cartoons” следующим образом:



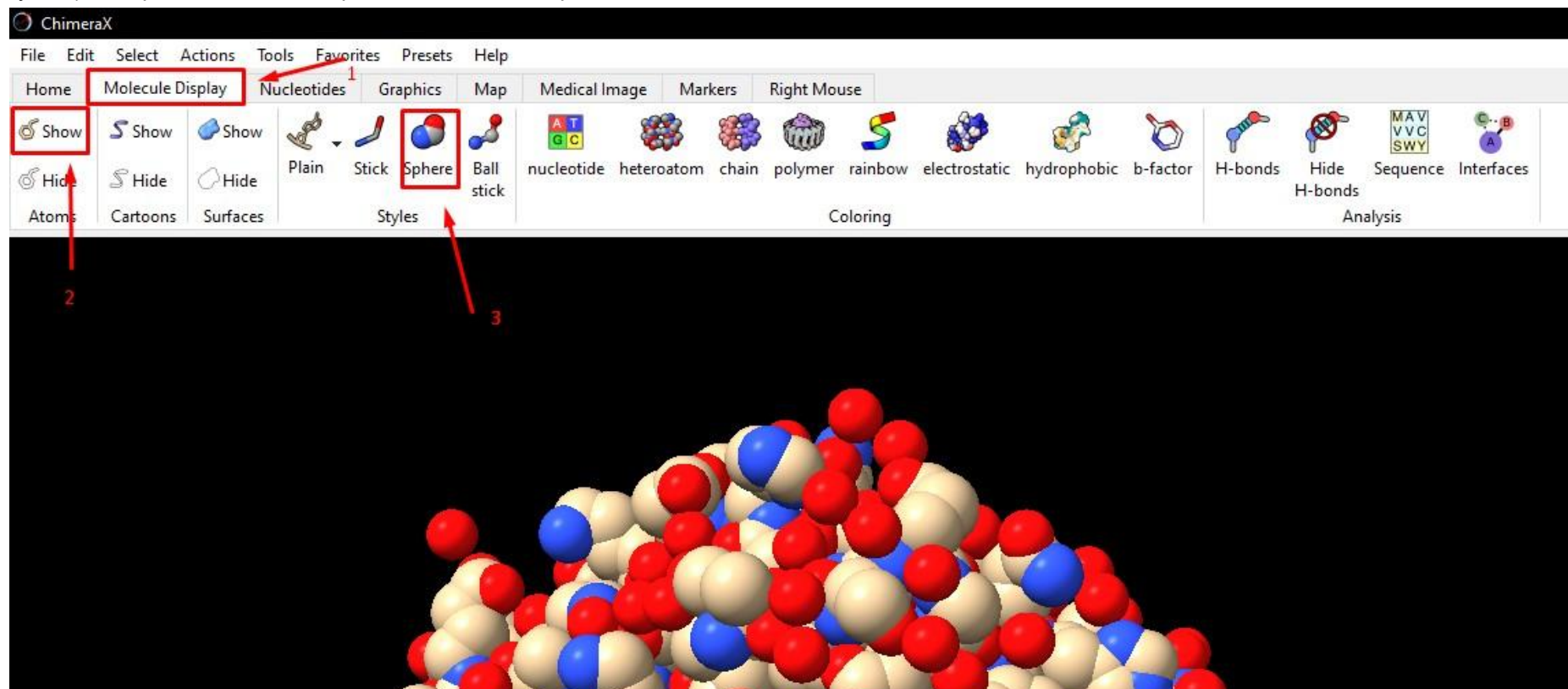
Далее, чтобы отобразить wireframe, проделываем все с точностью до наоборот: скрываем одно, отображаем второе



Если же нам необходима оставить в атомарном отображении только backbone, то вновь спрячем атомы и обратимся к консоли внизу и пропишем следующую команду: **show backbone**, или **show min-backbone**, если нас интересует самая основа цепи, не включающая даже ближайшие связи с атомами водорода. (Backbone, как выяснилось позже можно получить и без консоли, копированием во вкладке tools - но как по мне, консоль порой бывает куда более удобней) <https://www.cgl.ucsf.edu/chimeraX/docs/user/commands/atomspec.html>

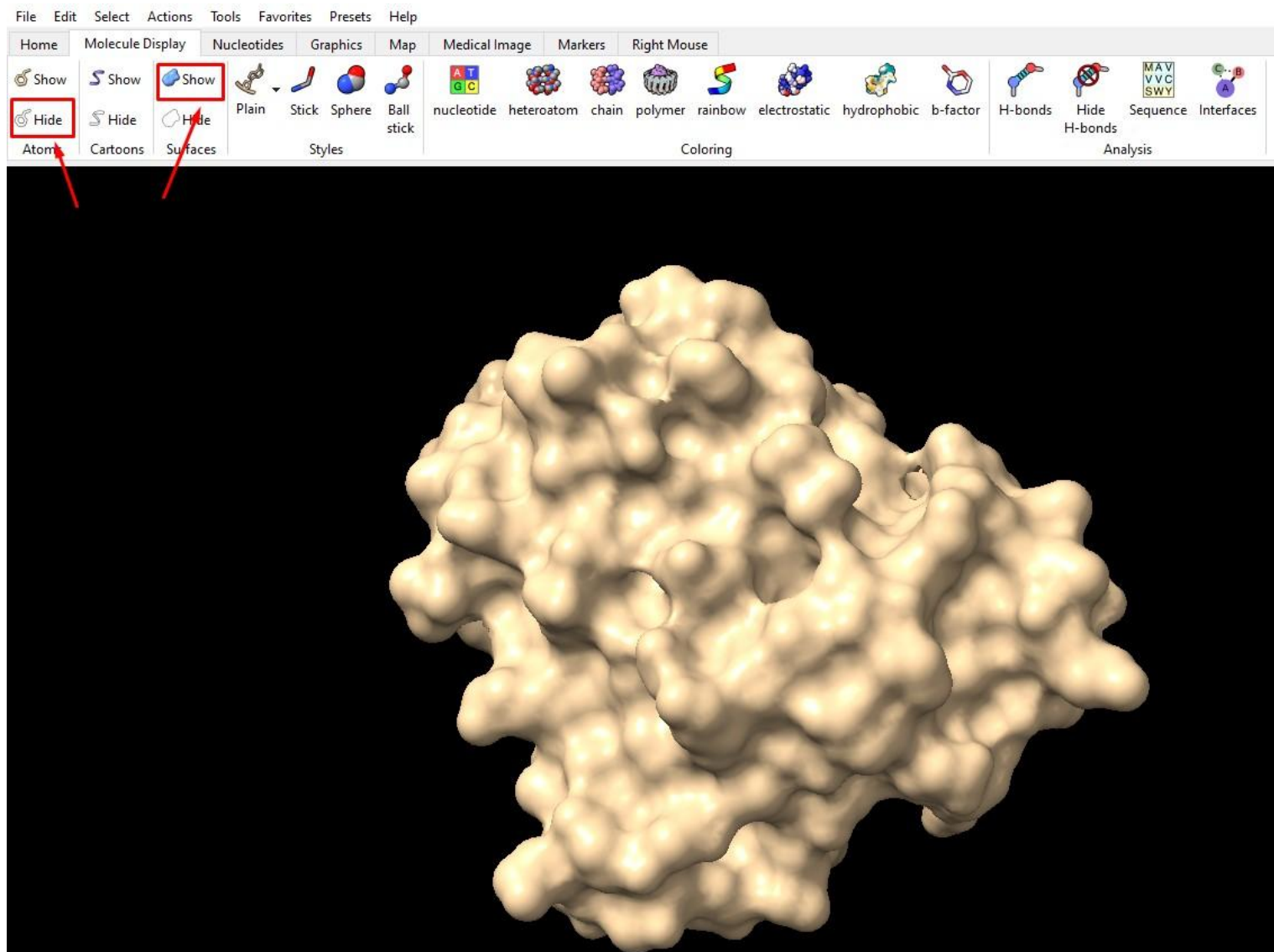


Затем, создадим отображение Spacefill, перейдя во вкладку Molecule Display (можно сделать и из home, но переход понадобится в следующем пункте), отобразив атомы и выбрав для них стиль "Sphere"

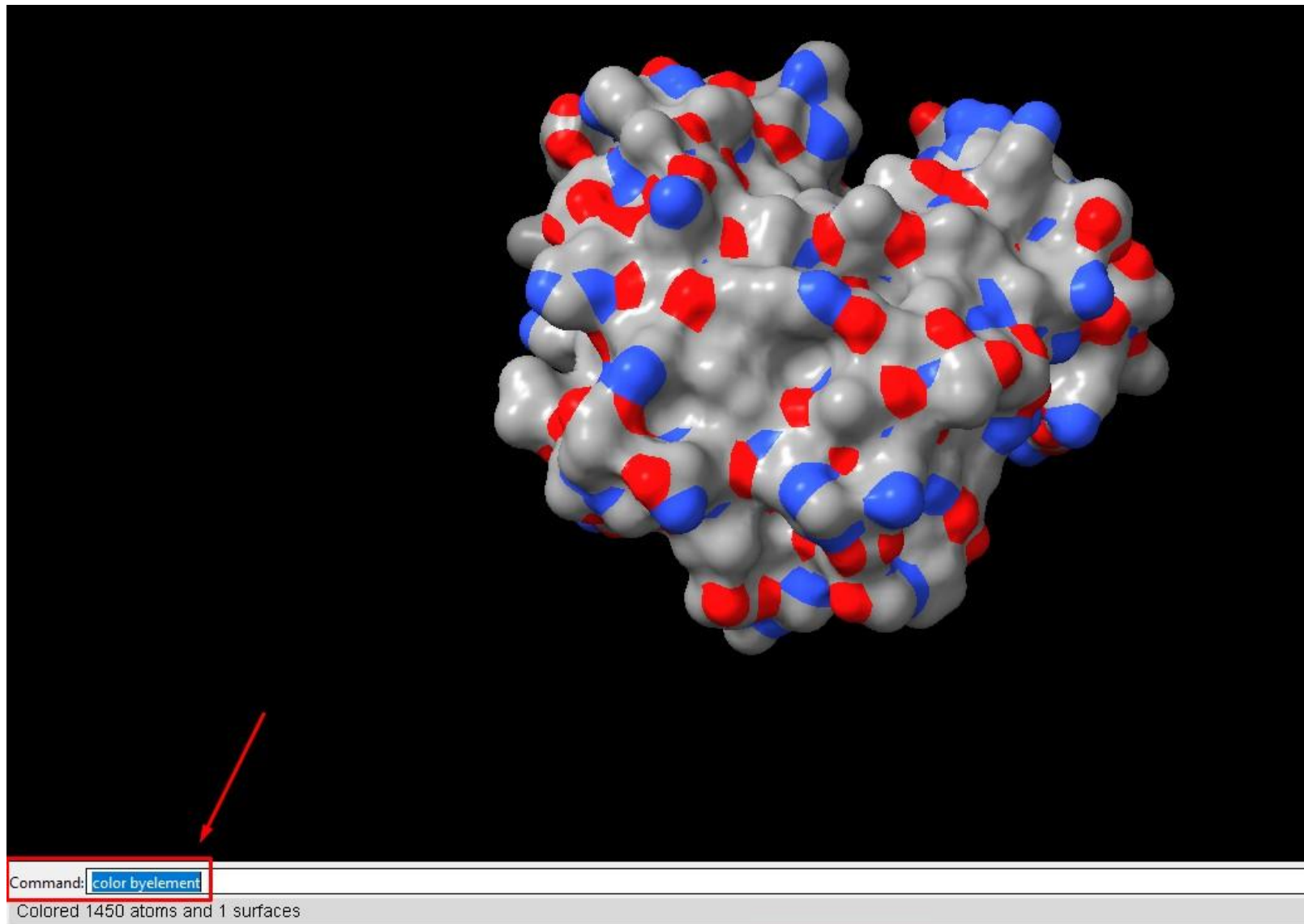




И наконец, для отображения Molecular Surface, снова спрячем атомы и отобразим элемент Surfaces




Теперь перейдём к покрасу. Чтобы окрасить поверхность молекулы по цветовой модели СРК, необходимо вбить в консоль **color byelement**




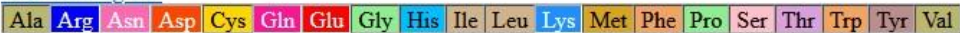
Данный окрас применится только к поверхности молекулы, потому смело скрываем surface и показываем cartoon и приступаем к покраске по доменам. Однако, так как мне не удалось в итоге найти способ окрасить белок по его частям, предлагаю покрасить его по аминокислотам, согласно цветовой модели представленной [тут](#). Для этого просто скачиваем указанный файл и открываем его.

### ← Coloring by Residue Type

The [color](#) command **bynucleotide** scheme colors residues by nucleotide base type: 

A few schemes for coloring proteins by amino acid type are available as [ChimeraX command scripts](#) (see comments in the files for details) that could be run directly or used to make a [custom preset](#):

- [amino-coloring.cxc](#)  

- [shapely-coloring.cxc](#)  

- [ecm-coloring.cxc](#)  


### ← Element Colors

The [color](#) command **byelement** and **byhet** schemes use the [Jmol default element colors](#). Pausing the cursor over a cell in the table below shows the corresponding hexadecimal [color code](#).

