

# R-chie

---

1. Dane wejściowe: struktura drugorzędowa w formacie dot-bracket, connect, bpseq lub helix.

2. Opcje przetwarzania danych wejściowych:

- Uporządkowanie par zasad według wartości malejących lub rosnących
- Odfiltrowanie par zasad z wartości: "mniejszych od...", "większych od..." lub "mniejszych od... i większych od..."

3. Opcje wyglądu:

- Ilość możliwych grup kolorowania: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 lub 8
- Ilość palet kolorów: 36
- Różne rodzaje grupowania:
  - równa liczba par zasad
  - równe wartości odległości
  - wspólna zlogarytmowana wartość przerw:  $1e^k$ , gdzie  $k \in \{-7, -6, -5, -4, -3, -2, -1, 0\}$
  - konkretna liczba par zasad
  - konkretna wartość odstępów
  - brak grup pseudowęzłów
  - kropkowo – nawiasowy typ struktury: (...), <...>, [...], {...}, A...a, B...b, C...c, D...d
  - zakres kowariancji par zasad: przedziały z zakresu [2.00; -2.00] podzielone równo na ich ilość
  - zakres konserwacji par zasad: przedziały z zakresu [1.00; 0.00] podzielone równo na ich ilość
  - procent kanonicznych par zasad: przedziały z zakresu [1.00; 0.00] podzielone równo na ich ilość

4. Dodatkowe ustawienia: ukryta skala, ukryta legenda.

5. Sześć dostępnych typów wykresów:

- **Single Structure** - wizualizacja skomplikowanych par zasad jako łuki o liniowej sekwencji, kolorowanie par zasad przez wartość
- **Double Structures** - nakreślenie dwóch struktur w tej samej sekwencji dla łatwego porównania
- **Overlapping Structures** - nałożenie na siebie dwóch struktur w celu podświetlenia podobieństw i różnic w tej samej sekwencji
- **Single Covariance** - wyświetlanie wielu sekwencji przyrównanych ze strukturą, kolorowanie dopasowań nukleotydów według statusu pary zasad
- **Double Covariances** - wyświetlanie wielu dopasowań sekwencji dla dwóch struktur dla łatwego porównania struktur i/lub przyrównań
- **Overlapping Covariances** - wyróżnienie podobieństw i różnic dwóch struktur używając informacji dla znanych jak i nowych porównań par zasad

6. Ustawienia dla przepuszczonych struktur drugorzędowych:

- 1) Single Structure
- 2) Ilość grup kolorowania: 4
- 3) Przy grupowaniu konkretną liczbą par zasad wybrano ilości równe kolejno: 2,4,6,8
- 4) Błędy po wprowadzeniu struktur:
  - Równe wartości przerw, wspólna zlogarytmowana wartość przerw, konkretna wartość odstępów: Operacja nie zakończyła się niepowodzeniem, bądź wprowadzono błędne dane wejściowe.
  - Zakres kowariancji par zasad, Zakres kowariancji par zasad, procent kanonicznych par zasad.
  - Struktury, które nie uległy załadowaniu mimo długiego czasu oczekiwania: 3j2c (działa jedynie 3j2c:m), 3jq4 (działa jedynie 3jq4:b), 4y1i .