## Kurzanleitung für BioEdit (V. 7.0.5.2)

Vorhaben	Menü- oder Tastenaktion	Mausaktion		
Einstellungen				
Laufwerk für temporäre Dateien	Options > Preferences > General: Temp directory for file swapping:			
Arbeitslaufwerk	<i>in BioEdit.ini:</i> [General Defaults] Open File Directory= Save File Directory=			
Dateien öffnen				
Neues Alignment erstellen	File > New Alignment			
Datei öffnen (als neues Alignment)	File > Open (Auf den eingestellten Dateityp achten! Es werden auch reine Textfiles gelesen)			
Dateien zu einem Alignment hinzufügen	File > Import <i>oder</i> [Strg] + [], <i>dann auf</i> "Alle Dateien" umstellen			
Sequenzen aus der Zwischenablage einfügen	File > Import from Clipboard			
Speichern				
Als Projekt speichern	File > Save as Dateityp: BioEdit Project (.bio) Nach dem ersten Speichern auch File > Save oder Strg + S			
Alle Sequenzen in einer FASTA- Datei speichern	File > Save as Dateityp: Fasta (.fas)			
Drucken				
Fenster im Grafikmodus darstellen	File > Graphic View			
Fenster im Grafikmodus ausdrucken	File > Print Window			
Alignment im Textformat ausdrucken	File > Print Alignment As Text <i>oder</i> Strg + P			
Formatieren				
Schrift im Alignment-Fenster einstellen: - Schriftart - Schriftgrad - Fett oder Normal		Courier New 🔽 12 💌 🏽		

## Kurzanleitung für BioEdit

Vorhaben	Menü- oder Tastenaktion	Mausaktion	
Sequenzen bearbeiten			
Alignment-Fenster zweiteilen		Doppelklick auf	
Zweiteilung des Fensters aufheben		Fenstertrennlinie nach rechts an den Bildschirmrand ziehen	
Sequenzen in der Reihenfolge verändern		Sequenznamen markieren und mit der Maus verschieben	
Sequenz umbenennen	Sequenznamen zweimal anklicken, dann neuen Namen eintippen		
Sequenz markieren	<i>Ersten Buchstaben markieren,</i> <i>dann</i> Edit > Select to End	Mit gedrückter linker Maus- taste einen Rahmen ziehen	
Sequenz kopieren	Edit > Copy oder $Strg + C$		
Sequenz löschen	Edit > Delete Sequences <i>oder</i> [Strg] + [Entf]		
Gap einfügen		I dann Rechtsklick auf die gewünschte Stelle	
Gap in allen Sequenzen außer der verwendeten einfügen		<b>I</b> eine Sequenz markieren, dort Rechtsklick auf die gewünschte Stelle	
Gap löschen	Im Edit-Modus (Cursor blinkt) [Entf]	D dann Rechtsklick auf die gewünschte Stelle	
Gap in allen Sequenzen außer der verwendeten löschen		Deine Sequenz markieren, dort Rechtsklick auf die gewünschte Stelle	
In allen Sequenzen alle Spalten löschen, in denen Gaps zu finden sind	Alignment > Strip colums containing gaps		

Vorhaben	Menü- oder Tastenaktion	Mausaktion	
Alignment auswerten			
Qualität des Alignments (Ähnlich- keitsmaß) feststellen	<i>die beiden Sequenzen markieren,</i> Sequence > Pairwise alignment > Calculate identity/similarity für two sequences		
Automatisches Alignment für zwei Sequenzen durchführen (mit offenen Enden)	<i>die beiden Sequenzen markieren,</i> Sequence > Pairwise alignment > Align two sequences (allow ends to slide)		
Ähnlichkeitsmatrix für Amino- säurenvergleich einstellen	Sequence > Similarity Matrix (for pairwise alignments and shading)		
Im Alignment Übereinstimmungen ausblenden (durch Punkte ersetzen)	View > Conservation plot	TTAG (A (	
Die maßgebende Sequenz, die als Standard vollständig angezeigt wird, bestimmen		Rechter Mausklick auf Sequenznamen	
Consensus-Sequenz anzeigen	Alignment > Create Consensus sequence		
Dotplot			
Dotplot von zwei Sequenzen erstellen	<i>die beiden Sequenzen markieren,</i> Sequence > Dot Plot (pairwise comparison)		
Position eines Punktes ermitteln		mit dem Maus-Kreuz den Punkt anklicken, oben x- und Y-Werte ablesen	
Dotplot als Grafik in die Zwischenablage kopieren	<i>Im Fenster Dotplot:</i> Edit > Copy Image		
Dotplot als Datei ausgeben	<i>Im Fenster Dotplot:</i> Save Matrix Output As <i>Dateinamen eingeben</i> .		
Sequenzen exportieren			
Einzelne Sequenz in die Zwischenablage kopieren	<i>Ersten Buchstaben der Sequenz</i> <i>markieren, dann:</i> Edit > Select to En Edit > Copy	d,	
Sequenz(en) in die Zwischenablage kopieren, so dass einzelne Elemente zeilenweise untereinander stehen	<i>Einen oder mehrere Namen markiere</i> Edit > Copy Sequence(s) Vertically (tab-formatted)	en	
Sequenz(en) im FASTA-Format in die Zwischenablage kopieren	<i>Einen oder mehrere Namen markiere</i> Edit > Copy Sequences to clipboerd (Fasta Format)	en	

Kurzanleitung für BioEdit