

Créer votre compte et rejoindre un projet

Voici une liste des liens vers les pages d'inscription pour les principaux projets. En utilisant ceux-ci vous serez directement inscrits dans L'Alliance Francophone.

[Climate Prediction](#)
[Seasonal Attribution](#)
[project](#)
[Einstein](#)
[Leiden](#)
[LHC](#)

[Malaria](#)
[Protein Predictor](#)
[QMC](#)
[Rosetta](#)
[SETI](#)
[Simap](#)

[Sztaki](#)
[Ralph](#)
[uFluids](#)
[Xtremlab](#)

Pour créer votre compte sur un projet, connectez vous tout d'abord sur la page Internet du projet ou utilisez le lien ci dessus.

Par exemple pour le projet Rosetta@home : <http://BOINC.bakerlab.org/rosetta/>

Puis choisissez « **Create account** »

Rosetta@home
Protein Folding, Design, and Docking

What is Rosetta@home?

Rosetta@home needs your help to determine the 3-dimensional shapes of proteins in research that may ultimately lead to finding cures for some major human diseases. By running the Rosetta program on your computer while you don't need it, you will help us speed up and extend our research in ways we couldn't possibly attempt without your help. You will also be helping our efforts at designing new proteins to fight diseases such as HIV, Malaria, Cancer, and Alzheimer's (See our [Disease Related Research](#) for more information). Please [join us](#) in our efforts!

[login/out](#)

Join Rosetta@home

- [Rules and policies](#)
- [System requirements](#)
- [Create account](#)
- [Download BOINC](#)
- [A welcome from David Baker](#)

About

- [10 reasons why users crunch Rosetta@home](#)
- [Quick Guide to Rosetta and its Graphics](#)
- [Rosetta@home Science FAQ](#)
- [Disease Related Research](#)
- [Research Overview](#)
- [News & Articles about Rosetta](#)
- [David Baker's Rosetta@home Journal](#)
- [Technical News](#)
- [BOINC Wiki](#) - more about BOINC

Returning participants

- [Your account](#) - view stats, modify preferences
- [Results](#) - view your results
- [Teams](#) - create or join a team
- [Applications](#)
- [Server status](#)
- [Add-ons](#)

Community

- [Message boards](#)
- [Questions and answers](#)
- [Participant profiles](#)
- [Images](#)
- [Languages](#)

Statistics

- [Top participants](#)
- [Top computers](#)
- [Top teams](#)
- [Top predictions](#)

User of the day

Benjamin Hunt (K64ES)

Psst, I'm hiding from the mafia.... Anyway, I'm involved in as many projects out there as I can possibly sign up for, including many alpha and beta...

Server Status as of 13 May 2006 13:37:39 UTC

- [Scheduler running]
- Queued: 65,021
- In progress: 203,970
- Successes last 24h: 109,234
- Users [L](#) (last day [L](#)) : 57,538 (+212)
- Hosts [L](#) (last day [L](#)) : 123,684 (+636)
- Credits last 24h [L](#) : 2,840,577
- Total credits [L](#) : 344,869,595
- TeraFLOPS estimate: 28.406

News

May 11, 2006

The first workunits from the CASP7 blind trials have been queued to Rosetta@home.

May 11, 2006

Rosetta@home updated to 5.13. New version fixes some debugging code that was causing slowdowns in a small fraction of clients.

May 9, 2006

We are sending out a newsletter that was written by the volunteers to all participants whose preferences allow. If your email client doesn't render the letter you can read it [here](#).

May 9, 2006

Application upgraded to 5.12. New version includes the ability to send out workunit descriptions and rescaled graphics for big proteins. For more information see [this thread](#).

May 8, 2006

Today's protein: **T0198, a huge protein from the previous blind trial experiment CASP6.**

- (Second) Lowest Energy Structure predicted by: [yaveqa](#) (Team [XPC](#))
- Lowest RMSD Structure predicted by: [JL G II](#)
- For details and pictures of the predicted structures, see the [top predictions](#) page

Congratulations to today's winners!

[..more](#)

Powered by

Tutorial réalisé par Click pour Futura-Sciences
<http://www.futura-sciences.com/>
Merci à L'Alliance Francophone pour leur aide
Vous êtes libre de diffuser ou modifier ce document

- 1 -

Il vous faut ensuite renseigner les différents champs. Attention de rentrer un Email valide car votre clef d'identification vous sera envoyée par la suite.

Une fois Validé la demande d'inscription vous arrivez sur la page de votre compte.

Sur cette page vous pouvez administrer votre profil, les paramètres du projet, les paramètres communs à tous les projets (« General Preferences »), voir les résultats déjà calculés...

Rosetta@home
Protein Folding, Design, and Docking

UNIVERSITY OF WASHINGTON

Your account

[Home] [Join] [About] [Participants] [Community] [Statistics]

Welcome to Rosetta@home. View and edit your account preferences using the links below.
If you have not already done so, [download BOINC client software](#).

Account information	
Email address	@free.fr
Name	[AF>Futura Sciences]click
URL	none
Country	France
Postal code	91130
	Change email address
	Change password
	Change other account info

Profile	
	Create

Preferences	
General specify when and how BOINC uses your computer	View or edit general preferences
Rosetta@home control resource share and customize graphics	View or edit Rosetta@home preferences
Forum configure features and the appearance of the forum	View or edit forum preferences

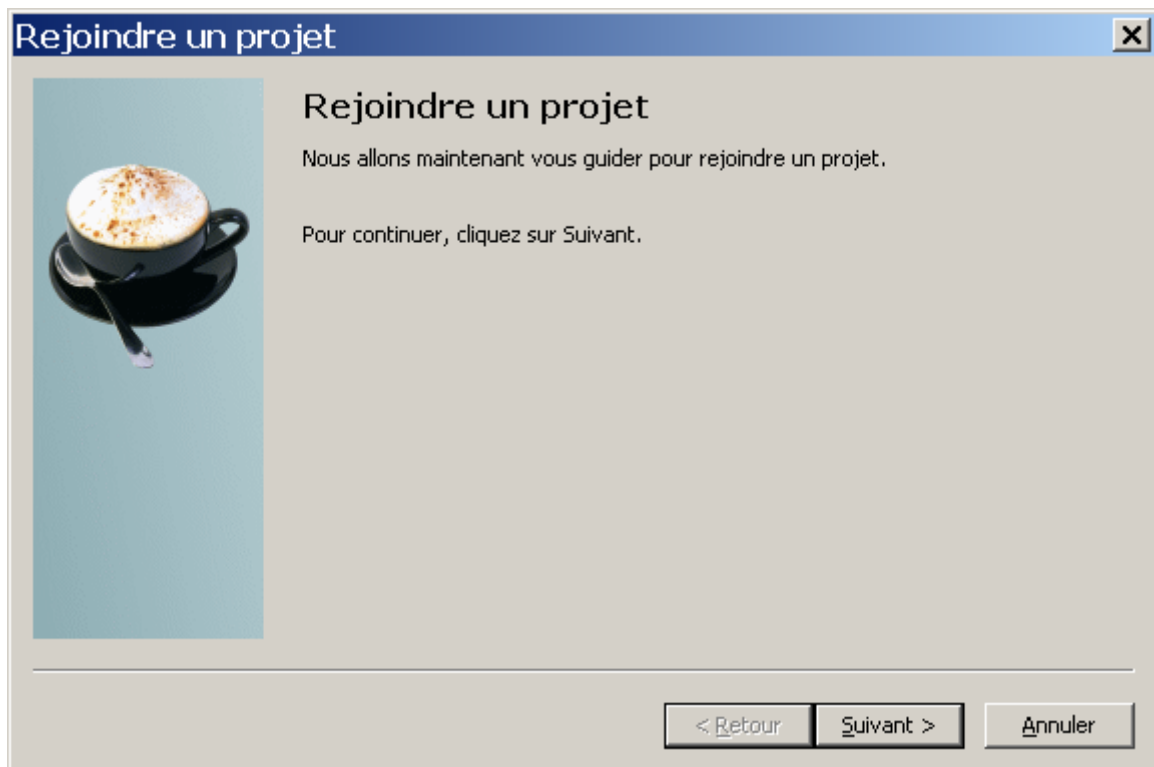
Account statistics	
Rosetta@home member since	13 May 2006
Total credit	0.00
Recent average credit	0.00
Pending credit	View
Team	None (find a team)
Computers on this account	View computers
Results	View
Stats on your cell phone	http://boinc.bakerlab.org/rosetta/userw.php?id=82470

Other	
	Log out

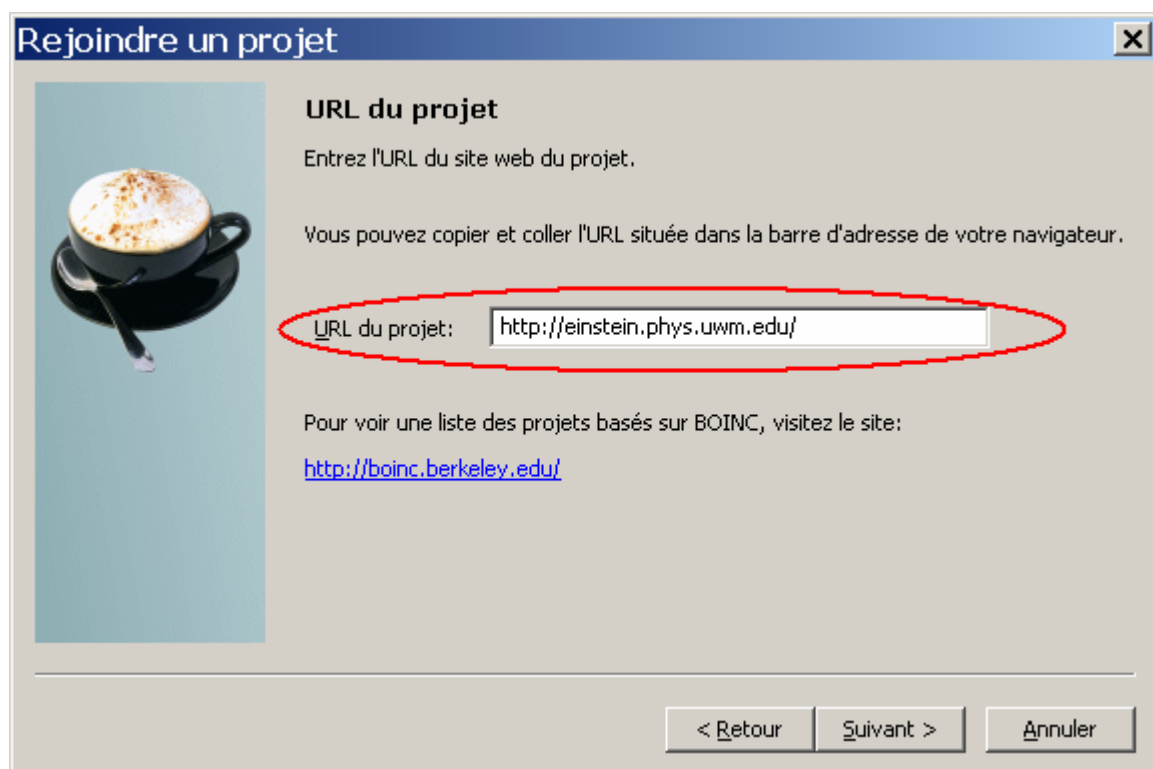
Votre compte est maintenant crée. Il reste juste à entrer le projet dans BOINC.

Pour cela, lancez le BOINCManager s'il ne tourne pas déjà (par le raccourci crée sur votre bureau, par le menu « démarrer » ...).

Ouvrez le menu "Projets" et sélectionnez "Rejoindre un projet"

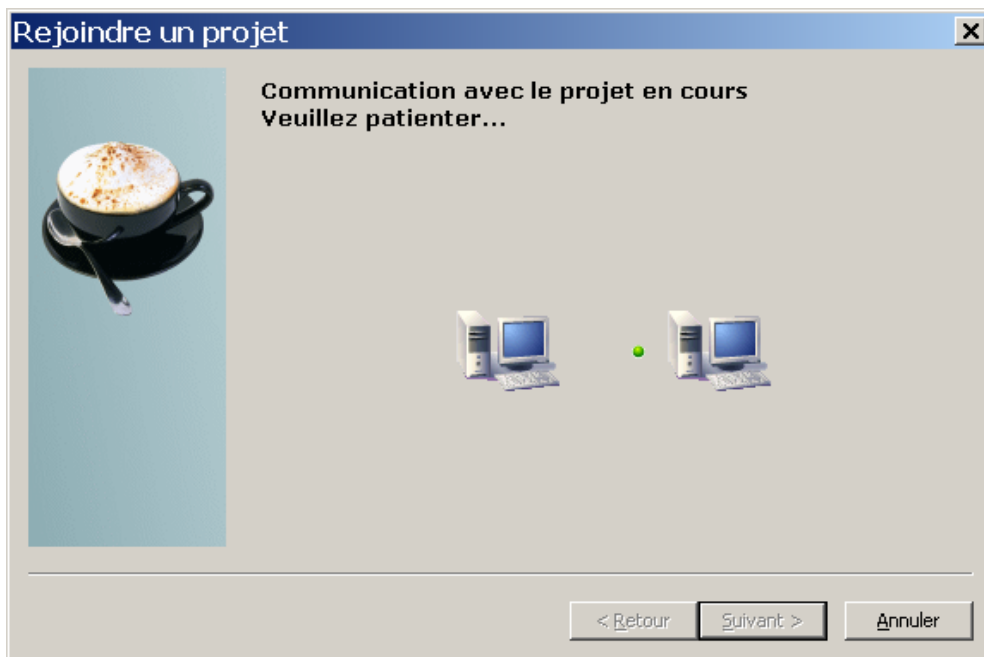


Cliquez sur "**Suivant>**"

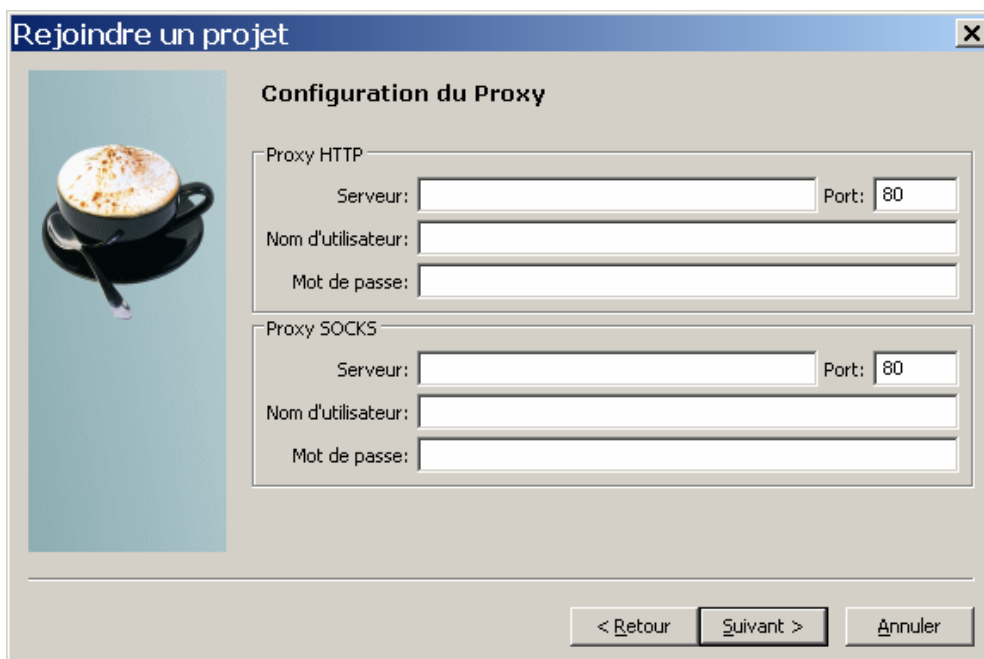


Saisissez l'URL du projet. Vous trouverez les URLs des projets dans le fil principal ou dans le fil spécifique pour chaque projet.

Cliquez sur "**Suivant>**"



BOINC communique avec les serveurs du projet. S'il n'y parvient pas, il suppose que vous utilisez un proxy et vous propose de le paramétrer

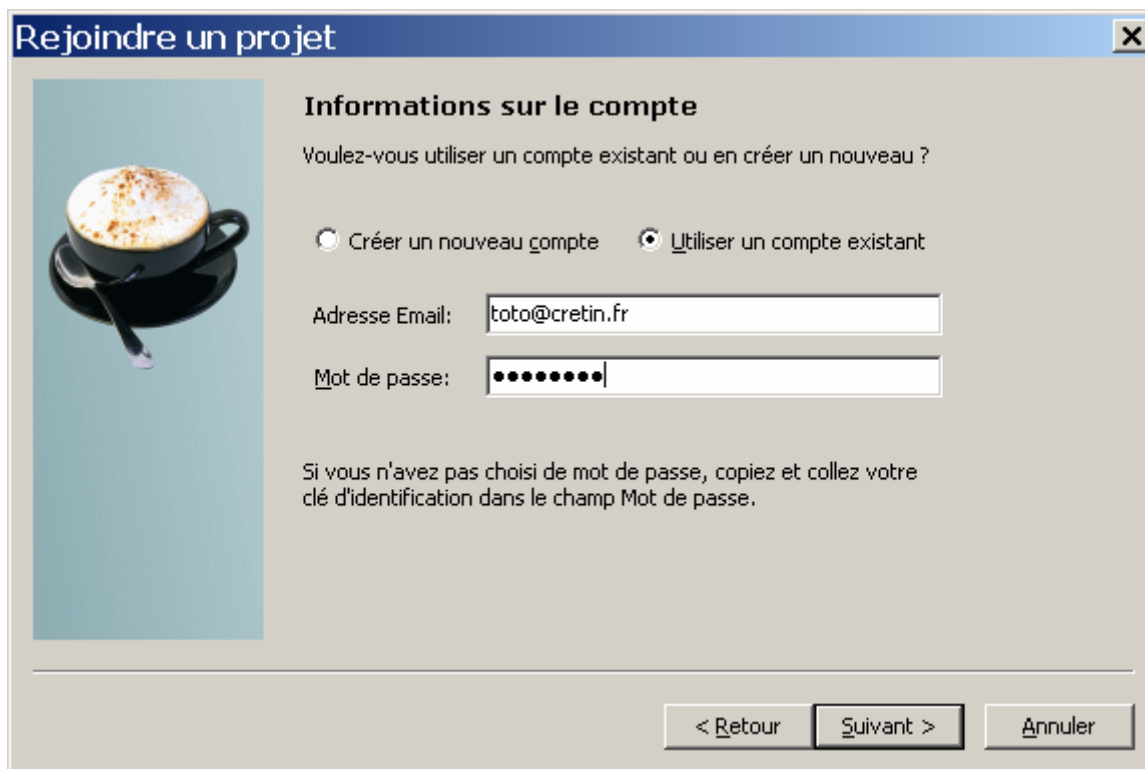


Si cette fenêtre apparaît et que vous n'utilisez pas de proxy, c'est probablement que votre Firewall refuse la communication Internet à BOINC. Il vous faut donc paramétrer celui-ci pour autoriser la communication. Il se pourrait aussi que le serveur soit momentanément « hors ligne ». Dans le doute vous pouvez le vérifier sur en tapant l'adresse dans votre navigateur.

Cliquez sur "Suivant>"

Vous disposez d'un compte pour le projet auquel vous vous attachez :
(Si vous ne disposez pas déjà d'un compte allez au paragraphe suivant, page 7)

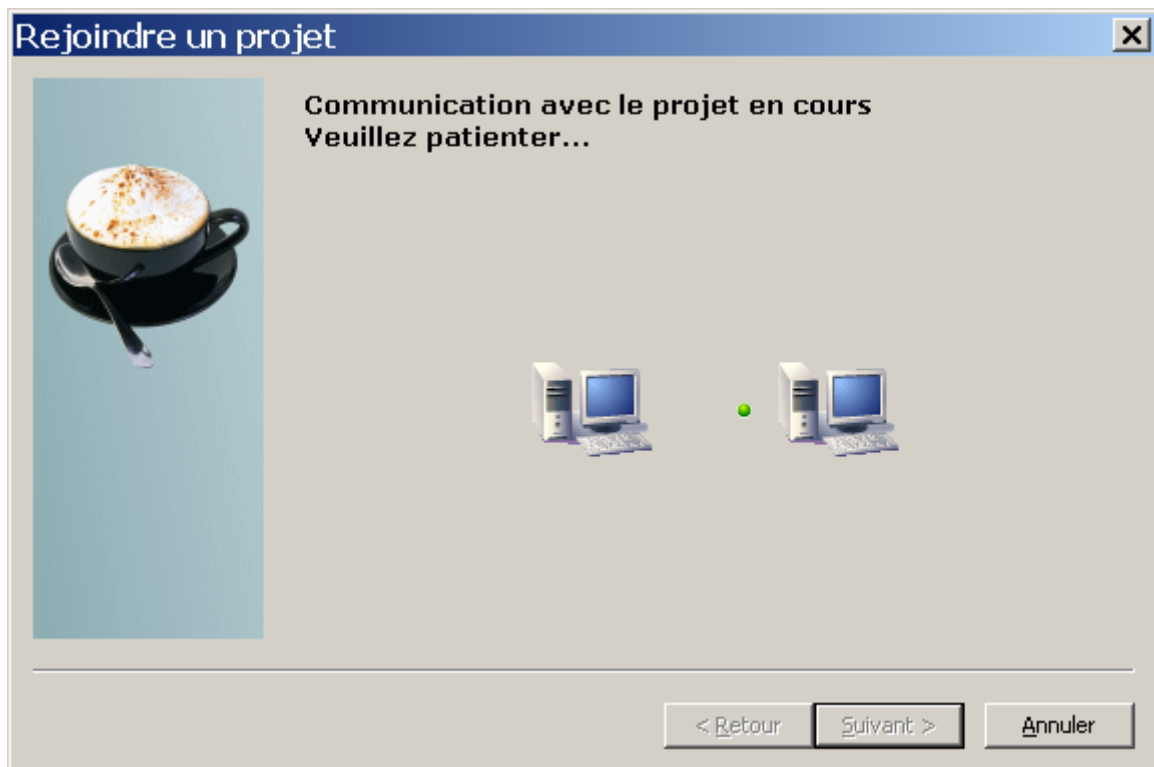
Choisissez **"Utiliser un compte existant"**



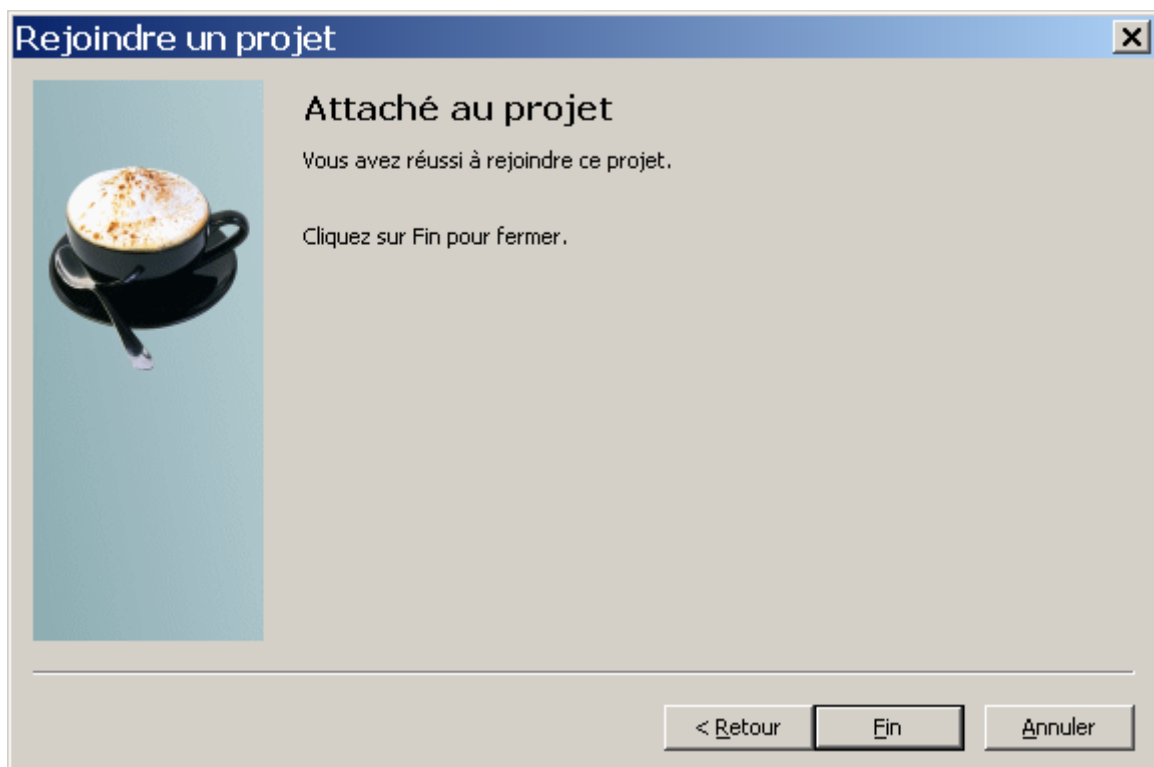
Saisissez l'adresse e-mail utilisée lors de la création de votre compte ainsi que le mot de passe que vous avez défini. (Vous pouvez aussi entrer la clef d'authentification à la place mot de passe, reçue par Email lors de la création du compte).

Cliquez sur **"Suivant>"**

BOINC va s'attacher au projet et récupérer vos paramètres de configuration.



Attendre quelques secondes, puis =>



Cliquez sur **"Finir"** pour terminer l'attachement au projet.
Celui-ci va maintenant automatiquement télécharger du travail puis
envoyer les résultats une fois les calculs terminés.

Vous ne disposez pas d'un compte pour le projet a rejoindre :
Choisissez "Créer un nouveau compte"

Rejoindre un projet



Informations sur le compte

Voulez-vous utiliser un compte existant ou en créer un nouveau ?

☒ Créer un nouveau compte ☐ Utiliser un compte existant

Adresse Email:

Mot de passe:

Confirmer le mot de passe:

Si vous n'avez pas choisi de mot de passe, copiez et collez votre clé d'identification dans le champ Mot de passe.

< Retour Suivant > Annuler

Saisissez une adresse e-mail valide et choisissez un mot de passe.
Cliquez sur "Suivant>"

Rejoindre un projet

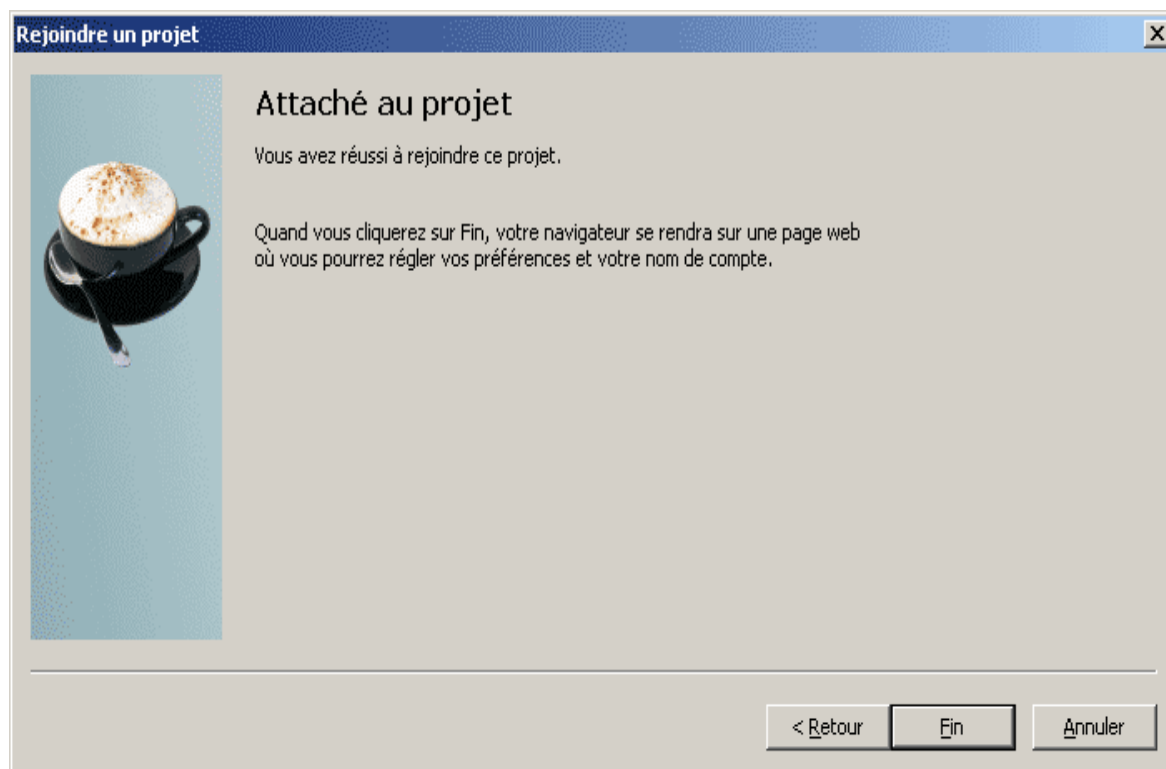


Communication avec le projet en cours
Veuillez patienter...



< Retour Suivant > Annuler

BOINC s'attache au projet et crée votre compte.



**Cliquez sur "Fin" pour terminer l'attachement au projet.
Votre navigateur s'ouvre alors pour vous permettre configurer vos
paramètres et votre profil.**