

لیست ابزار های مورد استفاده

Pairwise alignment: برای مقایسه‌ی دوتایی توالی ها استفاده میشود.

برای استفاده از این ابزار مرورگر خود را بر روی آدرس ebi.ac.uk/tools/psa قرار دهید. در این صفحه الگوریتم های مختلف برای همراهی توالی ها وجود دارد که هر کدام را میتوان بر روی توالی های نوکلئوتیدی یا آمینواسیدی اجرا کرد.

EMBL-EBI

Services

Research

Training

Industry

About us

🔍

EMBL-EBI

Hinxton

Pairwise Sequence Alignment

Feedback

Share

Tools > Pairwise Sequence Alignment

Pairwise Sequence Alignment is used to identify regions of similarity that may indicate functional, structural and/or evolutionary relationships between two biological sequences (protein or nucleic acid).

By contrast, **Multiple Sequence Alignment (MSA)** is the alignment of three or more biological sequences of similar length. From the output of MSA applications, homology can be inferred and the evolutionary relationship between the sequences studied.

Global Alignment

Global alignment tools create an end-to-end alignment of the sequences to be aligned. There are separate forms for protein or nucleotide sequences.

Needle  (EMBOSS)

EMBOSS Needle creates an optimal global alignment of two sequences using the Needleman-Wunsch algorithm.

[Protein](#) [Nucleotide](#)

Stretcher  (EMBOSS)

EMBOSS Stretcher uses a modification of the Needleman-Wunsch algorithm that allows larger sequences to be globally aligned.

[Protein](#) [Nucleotide](#)

Local Alignment

Local alignment tools find one, or more, alignments describing the most similar region(s) within the sequences to be aligned. There are separate forms for protein or nucleotide sequences.

Water  (EMBOSS)

EMBOSS Water uses the Smith-Waterman algorithm (modified for speed enhancements) to calculate the local alignment of two sequences.

[Protein](#) [Nucleotide](#)

Matcher  (EMBOSS)

EMBOSS Matcher identifies local similarities between two sequences using a rigorous algorithm based on the LALIGN application.

[Protein](#) [Nucleotide](#)

LALIGN 

LALIGN finds internal duplications by calculating non-intersecting local alignments of protein or DNA sequences.

[Protein](#) [Nucleotide](#)

Genomic Alignment

Genomic alignment tools concentrate on DNA (or to DNA) alignments while accounting for characteristics present in genomic data.

[GenoMica](#) 

با توجه به پروژه‌ی خود الگوریتم مربوطه را انتخاب کنید. در این مثال Global Alignment برای دو توالی پروتئینی نشان داده شده است.

EMBL-EBI

Services

Research

Training

Industry

About us

🔍

EMBL-EBI

Hinxton

EMBOSS Stretcher

Protein alignment

Nucleotide alignment

Web services

Help & Documentation

Also in this section

Feedback

Share

Tools > Pairwise Sequence Alignment > EMBOSS Stretcher

Pairwise Sequence Alignment (PROTEIN)

EMBOSS Stretcher calculates an optimal global alignment of two sequences using a modification of the classic dynamic programming algorithm which uses linear space.

This is the form for protein sequences. Please go to the [nucleotide](#) form if you wish to align DNA or RNA sequences.

STEP 1 - Enter your protein sequences

Enter or paste your first **protein** sequence in any supported format:

Or, upload a file: [Choose file](#) no file selected [Use a example sequence](#) | [Clear sequence](#) | [See more example inputs](#)

AND

Enter or paste your second **protein** sequence in any supported format:

Or, upload a file: [Choose file](#) no file selected

STEP 2 - Set your pairwise alignment options

MATRIX	GAP OPEN	GAP EXTEND	OUTPUT FORMAT
BLOSUM62	12	2	pair

STEP 3 - Submit your job

☐ Be notified by email (Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)

Submit

If you plan to use these services during a course please [contact us](#).

توالی های FASTA خود را در پنجره های مربوطه کپی کنید. با کلیک کردن روی دکمه‌ی more options میتوانید تنظیمات همراستایی را از حالت پیش فرض تغییر دهید. ماتریس جهش مورد استفاده و گپ پنالتی از جمله این موارد هستند. در آخر دکمه‌ی submit را زده و منتظر شوید تا همراستایی انجام شود. در پایان با چنین صفحه‌ای مواجه میشوید که خلاصه تنظیمات و نتایج همراستایی را در بر دارد.

EMBL |
 Services |
 Research |
 Training |
 Industry |
 About us |

EMBOSS Stretcher

Protein alignment |
 Nucleotide alignment |
 Web services |
 Help & Documentation |
 Also in this section ▾

Tools > Pairwise Sequence Alignment > EMBOSS Stretcher

Results for job emboss_stretcher-I20180824-162531-0081-81745245-p2m

Alignment | Submission Details

[View Alignment File](#)

```
#####
# Program: stretcher
# Rundate: Fri 24 Aug 2018 16:25:34
# Commandline: stretcher
# -auto
# -stdout
# -asequence emboss_stretcher-I20180824-162531-0081-81745245-p2m.asequence
# -bsequence emboss_stretcher-I20180824-162531-0081-81745245-p2m.bsequence
# -datafile EBLOSUM62
# -gapopen 12
# -gapextend 2
# -aformat3 pair
# -sprotein1
# -sprotein2
# Align_format: pair
# Report_file: stdout
#####

#-----
#
# Aligned_sequences: 2
# 1: HBA_HUMAN
# 2: HBA_MOUSE
# Matrix: EBLOSUM62
# Gap_penalty: 12
# Extend_penalty: 2
#
# Length: 142
# Identity:   122/142 (85.9%)
# Similarity: 131/142 (92.3%)
# Gaps:      0/142 ( 0.0%)
# Score: 648
#
#-----
HBA_HUMAN          1 MVLSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLS 50
                    ||..||:|||||:|||||:|-:|||||:|||||:
HBA_MOUSE           1 MVLSGEDKSNIAAWGKIGHGAGYGAELRMFAFPSTTKTYPHFDVS 50
                    |||||:|||||:|||||:|-:|||||:|||||:
HBA_HUMAN          51 HGSAQVGHGGKKVADALTNAVHVDDMPNALSOLDLAHLKRVDPVNFK 100
                    |||||:|||||:|||||.||.:||.:|.|.|||:|||||:
HBA_MOUSE           51 HGSAQVGHGGKKVADALASAAGLLDLPGLSALSOLAHKLKRVDPVNFK 100
                    |||||:|||||:|||||.||.:||.:|.|.|||:|||||:
HBA_HUMAN          101 LLSHCLLVTLAHLPAETTPAVHASLDKFLASVSTVTSKYR 142
                    |||||:|||||:|||||.||.:||.:|.|.|||:|||||:
HBA_MOUSE           101 LLSHCLLVTLASHHPADTFPAVASLRDLASVSTVTSKYR 142
                    |||||:|||||:|||||.||.:||.:|.|.|||:|||||:

#-----
```

۲- Multiple alignment: با استفاده از این ابزار میتوانید چندین توالی را با هم مقایسه کنید. امکان استفاده از خروجی این نوع همراستایی برای کشیدن درخت فیلوژنتیک نیز وجود دارد.

برای شروع مرورگر خود را بر روی آدرس ebi.ac.uk/tools/msa قرار دهید. در این صفحه الگوریتم های مختلف برای همراستایی چندگانه را مشاهده میکنید. در این مثال از الگوریتم Clustal Omega برای مقایسه ی چند توالی پروتئین استفاده میکنیم.

EMBL-EBI

Services

Research

Training

Industry

About us

EMBL-EBI

Hinxton

Multiple Sequence Alignment

Feedback

Share

Tools > Multiple Sequence Alignment

Multiple Sequence Alignment (MSA) is generally the alignment of three or more biological sequences (protein or nucleic acid) of similar length. From the output, homology can be inferred and the evolutionary relationships between the sequences studied.

By contrast, [Pairwise Sequence Alignment](#) tools are used to identify regions of similarity that may indicate functional, structural and/or evolutionary relationships between two biological sequences.

Clustal Omega

New MSA tool that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments. Suitable for medium-large alignments.

[Launch Clustal Omega](#)

Kalign

Very fast MSA tool that concentrates on local regions. Suitable for large alignments.

[Launch Kalign](#)

MAFFT

MSA tool that uses Fast Fourier Transforms. Suitable for medium-large alignments.

[Launch MAFFT](#)

MUSCLE

Accurate MSA tool, especially good with proteins. Suitable for medium alignments.

[Launch MUSCLE](#)

MView

Transform a Sequence Similarity Search result into a Multiple Sequence Alignment or reformat a Multiple Sequence Alignment using the MView program.

[Launch MView](#)

T-Coffee

Consistency-based MSA tool that attempts to mitigate the pitfalls of progressive alignment methods. Suitable for small alignments.

[Launch T-Coffee](#)

WebPRANK

The EBI has a new phylogeny-aware multiple sequence alignment program which makes use of evolutionary information to help place insertions and deletions. Try it out at [WebPRANK](#).

The tools described on this page are provided using [Programmatic access to bioinformatics tools from EMBL-EBI update: 2017](#). If you have any feedback or encounter any issues please let us know via [EMBL-EBI support](#).

در اولین پنجره Enter or paste a set of امکان تغییر همراستایی برای نوکلئوتید وجود دارد. در ابتدا توالی های FASTA مورد نظر خود را در پنجره مربوطه کپی کنید. دقت داشته باشید که بین پایان یک توالی و آغاز توالی بعد باید یک خط فاصله باشد.

EMBL-EBI

Services

Research

Training

Industry

About us

EMBL-EBI

Hinxton

Clustal Omega

Input form

Web services

Help & Documentation

Bioinformatics Tools FAQ

Feedback

Share

Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between **three or more** sequences. For the alignment of two sequences please instead use our [pairwise sequence alignment tools](#).

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB.

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of

PROTEIN

sequences in any supported format:

Or, upload a file: [Choose File](#) no file selected

[Use a example sequence](#) | [Clear sequence](#) | [See more example inputs](#)

STEP 2 - Set your parameters

OUTPUT FORMAT

ClustalW with character counts

DEALIGN INPUT SEQUENCES	MBED-LIKE CLUSTERING GUIDE	MBED-LIKE CLUSTERING ITERATION	NUMBER of COMBINED ITERATIONS
no	yes	yes	default(0)
MAX GUIDE TREE ITERATIONS	MAX HMM ITERATIONS	ORDER	
default	default	aligned	

STEP 3 - Submit your job

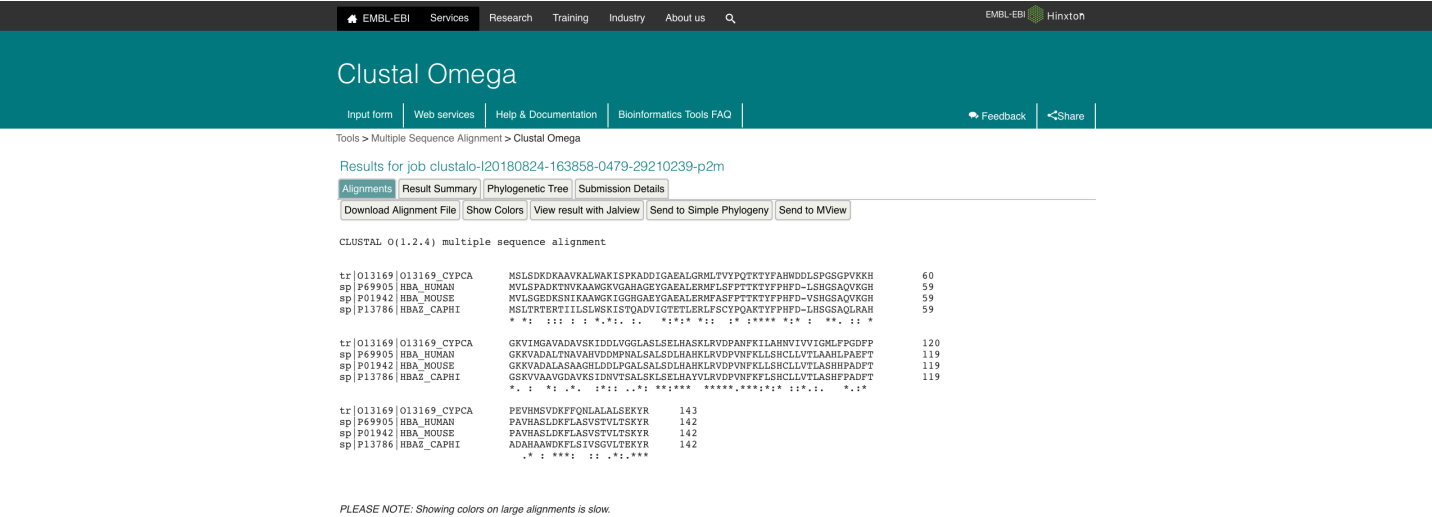
☐ Be notified by email (Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)

Submit

If you plan to use these services during a course please [contact us](#).

Please read the [FAQ](#) before seeking help from our support staff.

پس از پایان کار صفحه‌ی زیر را مشاهده خواهید کرد. با کلیک کردن روی تب های مختلف بالای صفحه میتوانید اطلاعات بیشتری راجع به این همراستایی پیدا کنید یا آن را به عنوان ورودی به برنامه های دیگر بدهید.



- با کلیک بر روی تب Result summary با صفحه‌ی زیر مواجه خواهید شد. هر کدام از لینک های موجود در صفحه اطلاعاتی در مورد همراهی انجام شده به شما میدهد.

EMBL-EBI

Services

Research

Training

Industry

About us

Q

EMBL-EBI

Hinxton

Clustal Omega

Input form

Web services

Help & Documentation

Bioinformatics Tools FAQ

Feedback

Share

Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

Results for job clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m

Alignments

Result Summary

Phylogenetic Tree

Submission Details

Input Sequences

clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m.input

Tool Output

clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m.output

Alignment in CLUSTAL format with base/residue numbering

clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m.clustal_num

Phylogenetic Tree

clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m.ph

Percent Identity Matrix

clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m.pim

Jalview

View result with Jalview

Simple Phylogeny

Send to Simple Phylogeny

MView

Send to MView

EMBL-EBI

Services

By topic

By name (A-Z)

Help & Support

Research

Publications

Research groups

Postdocs & PhDs

Training

Train at EBI

Train outside EBI

Train online

Contact organisers

Industry

Members Area

Workshops

SME Forum

Contact Industry programme

About EMBL-EBI

Contact us

Events

Jobs

News

People & groups

EMBL-EBI, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Cambridgeshire, CB10 1SD, UK +44 (0)1223 49 44 44

Copyright © EMBL-EBI 2018 | EMBL-EBI is part of the European Molecular Biology Laboratory | Terms of use

Intranet

#

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

#

#

1: tr|O13169|O13169_CYPCA 100.00 50.00 50.70 47.18

2: sp|P69905|HBA_HUMAN 50.00 100.00 85.92 56.34

3: sp|P01942|HBA_MOUSE 50.70 85.92 100.00 56.34

4: sp|P13786|HBAZ_CAPHI 47.18 56.34 56.34 100.00

Percent Identity Matrix لینک بر روی لینک

میتوانید درصد تشابه هر جفت توالی را ببینید.

- برای رسم درخت فیلوژنتیک باید بر روی تب Send to simple phylogeny کلیک کنید. این برنامه از نتیجه همراهی برای رسم درخت استفاده میکند. در صفحه حاصل میتوانید تنظیمات کشیدن درخت را تغییر دهید. از مهم ترین این تنظیمات میتوان به الگوریتم رسم درخت اشاره کرد. با کلیک کردن روی دکمه‌ی submit رسم درخت آغاز میشود.

EMBL-EBI

Services

Research

Training

Industry

About us

Q

EMBL-EBI

Hinxton

Simple Phylogeny

Input form

Web services

Help & Documentation

Bioinformatics Tools FAQ

Feedback

Share

Tools > Phylogeny > Simple Phylogeny

Simple Phylogeny

This tool provides access to phylogenetic tree generation methods from the ClustalW2 package. Please note this is NOT a multiple sequence alignment tool. To perform a multiple sequence alignment please use one of our [MSA tools](#).

STEP 1 - Enter your multiple sequence alignment

Enter or paste a multiple sequence alignment in any supported format:

clustalo-120180824-163858-0479-29210239-p2m

Or, upload a file: ☐ Choose file no file selected

Use an example sequence | Clear sequence | See more example inputs

STEP 2 - Set your Phylogeny options

TREE FORMAT	DISTANCE CORRECTION	EXCLUDE GAPS	CLUSTERING METHOD	P.I.M.
Default	off	off	Neighbour-joining	off

STEP 3 - Submit your job

☐ Be notified by email (Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)

Submit

If you plan to use these services during a course please [contact us](#).

Please read the FAQ before seeking help from our support staff.

Phylogram

Branch length: ☒ Cladogram ☐ Real



trIO13169IO13169_CYPCA 0.29401
splP69905IHBA_HUMAN 0.07218
splP01942IHBA_MOUSE 0.06866
splP13786IHBAZ_CAPHI 0.23415

Phylogenetic Tree

[View Phylogenetic Tree File](#)

خروجی این ابزار به شکل روبرو است. نام هر شاخه اولین خط در توالی FASTA ای است که به نرم افزار Multiple Aignment داده شده است. شما میتوانید طول شاخه ها تغییر دهید تا نسبت های واقعی آنها را مشاهده کنید و درخت حاصل را ذخیره کنید.

۳- BLAST: این ابزار برای جستجوی یک توالی در بین تمامی entry های یک پایگاه داده استفاده میشود.

برای استفاده از این الگوریتم جستجو، آدرس ncbi.nlm.nih.gov را در مرورگر وارد کنید و از قسمت Popular Resources بر روی لینک BLAST کلیک کنید. در این صفحه باید نوع BLAST را انتخاب کنید. برای جستجوی یک توالی نوکلئوتیدی در پایگاه داده نوکلئوتید از Nucleotide BLAST و برای جستجوی یک توالی پروتئینی در پایگاه داده پروتئین از Protein BLAST استفاده میکنیم. دو نوع دیگر برای جستجو پروتئین در پایگاه داده نوکلئوتید و بالعکس استفاده میشوند. نوع جستجوی مورد نیاز خود را انتخاب کنید.

- در این مثال Protein BLAST نمایش داده شده است. در صفحه‌ی حاصل می‌توانید جستجوی خود را انجام دهید و تنظیمات را تغییر دهید.
- با استفاده از دکمه‌ی Choose File فایل FASTA را آپلود کرده یا توالی را در پنجره‌ی بالای صفحه کپی کنید.
 - در قسمت Query subrange می‌توانید تنظیم کنید که تنها بخش خاصی از پروتئین مورد نظر شما در پایگاه داده جستجو شود.
 - در قسمت Organism می‌توانید موجوداتی را که تمایل دارید که در نتایج جستجو دخیل شده یا نشوند را تعیین کنید.
 - Max target sequences تعداد hit های نمایش داده شده در خروجی را تغییر می‌دهد.
 - Expect threshold نتایجی که e-value بالاتر از حد تعیین شده دارند را از خروجی حذف میکند.
 - Word size اندازه کلمات جستجو را تغییر می‌دهد؛ عدد بزرگتر جستجوی بهتر و طبعاً زمان بیشتر را به همراه دارد.
 - در قسمت Matrix می‌توانید ماتریس جهش مورد استفاده را تغییر دهید.
 - Gap Cost امتیازهای منفی شروع و ادامه‌ی گپ را مشخص میکند.
- پس از اعمال تمامی تنظیمات خود روی دکمه‌ی BLAST کلیک کنید و صبر کنید تا جستجو تمام شود.

NIH

U.S. National Library of Medicine

NCBI

National Center for Biotechnology Information

Sign in to NCBI

BLAST® » blastp suite

HomeRecent ResultsSaved StrategiesHelp

Standard Protein BLAST

blastnblastpblastxtblastntblastx

Enter Query Sequence

BLASTP programs search protein databases using a protein query. [more...](#)

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)

Clear

Query subrange

From

To

Or, upload file

Choose Fileno file selected

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search

☐ Align two or more sequences

Choose Search Set

Database

Non-redundant protein sequences (nr)

Organism

Optional

☐ Exclude

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown.

Exclude

Optional

☐ Models (XM/XP)
 ☐ Non-redundant RefSeq proteins (WP)
 ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Entrez Query

Optional

[You Tube](#)
[Create custom database](#)

Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Algorithm

☐ Quick BLASTP (Accelerated protein-protein BLAST) **New**
☒ blastp (protein-protein BLAST)
 ☐ PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)
 ☐ PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)
 ☐ DELTA-BLAST (Domain Enhanced Lookup Time Accelerated BLAST)

Choose a BLAST algorithm

BLAST

Search database Non-redundant protein sequences (nr) using Blastp (protein-protein BLAST)

☐ Show results in a new window

Algorithm parameters

Restore default search parameters

General Parameters

Max target sequences

100

Select the maximum number of aligned sequences to display

Short queries

☒ Automatically adjust parameters for short input sequences

Expect threshold

10

Word size

6

Max matches in a query range

0

Scoring Parameters

Matrix

BLOSUM62

Gap Costs

Existence: 11 Extension: 1

Compositional adjustments

Conditional compositional score matrix adjustment

Filters and Masking

Filter

☐ Low complexity regions

Mask

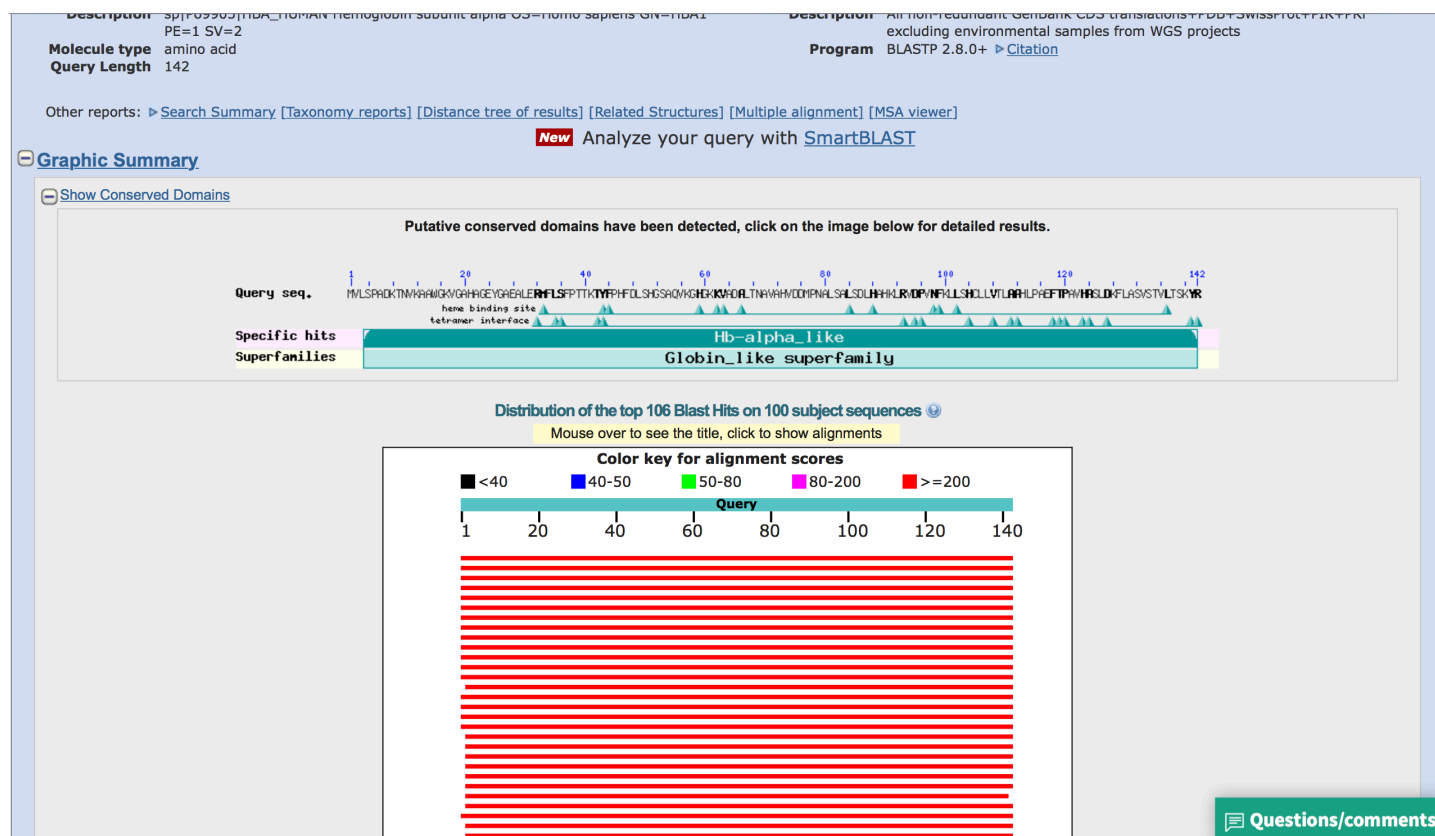
☐ Mask for lookup table only
 ☐ Mask lower case letters

BLAST

Search database Non-redundant protein sequences (nr) using Blastp (protein-protein BLAST)

☐ Show results in a new window

پس از پایان جستجو با صفحه‌ی زیر مواجه خواهید شد. هر کدام از خطوط رنگی مشاهده شده نمایانگر یک توالی هستند که در جستجوی انجام شده به عنوان hit شناخته شده اند. با استفاده از راهنمای رنگی بالای صفحه می‌توانید اطلاعاتی نسبت به امتیاز همراستایی برای کل یا بخش هایی از hit کسب کنید.



با پایین رفتن در صفحه‌ی نتایج به لیست پروتئین های hit خواهید رسید روبروی هر کدام از این توالی ها درصد identity و e-value را مشاهده میکنید. با کلیک کردن بر روی لینک accession می‌توانید وارد آن entry مشخص در پایگاه داده‌ی.ncbi شوید.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

[Alignments](#) [Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	hypothetical protein [Klebsiella pneumoniae]	288	288	100%	4e-98	100%	WP_108998590.1
<input type="checkbox"/>	hemoglobin alpha 2 [synthetic construct]	287	287	100%	4e-98	100%	AAX29522.1
<input type="checkbox"/>	hypothetical protein [Escherichia coli]	287	287	100%	6e-98	100%	WP_108997664.1
<input type="checkbox"/>	MULTISPECIES: hypothetical protein [Enterobacteriaceae]	286	286	100%	6e-98	100%	WP_108961785.1
<input type="checkbox"/>	Chain B. A Cis-Proline In Alpha-Hemoglobin Stabilizing Protein Directs The Structural Reorganization Of Alpha-Hemoglobin	286	286	100%	8e-98	100%	3IA3_B
<input type="checkbox"/>	mutant hemoglobin alpha 2 globin chain [Homo sapiens]	286	286	100%	1e-97	99%	AKZ66543.1
<input type="checkbox"/>	MULTISPECIES: hypothetical protein [Enterobacteriaceae]	286	286	100%	1e-97	100%	WP_109027992.1
<input type="checkbox"/>	hemoglobin alpha-2 [Homo sapiens]	285	285	100%	2e-97	99%	AAN04486.1
<input type="checkbox"/>	alpha-2-globin [Homo sapiens]	285	285	100%	3e-97	99%	AAF72612.1
<input type="checkbox"/>	TPA: globin C1 [Homo sapiens]	286	286	100%	3e-97	100%	SAI82135.1
<input type="checkbox"/>	hemoglobin alpha 1-2 hybrid [Homo sapiens]	284	284	100%	5e-97	99%	ABF56145.1
<input type="checkbox"/>	Chain A. Hemoglobin Thionville: An Alpha-Chain Variant With A Substitution Of A Glutamate For Valine At Na-1 And Having An Acetylated Methionine Nh2 Te	284	284	100%	5e-97	99%	1BAB_A
<input type="checkbox"/>	hemoglobin alpha-1 globin chain [Homo sapiens]	284	284	100%	7e-97	99%	AAK37554.1
<input type="checkbox"/>	Chain A. Structure Of Haemoglobin In The Deoxy Quaternary State With Ligand Bound At The Alpha Haems	284	284	99%	7e-97	100%	1COH_A
<input type="checkbox"/>	alpha 2 globin variant [Homo sapiens]	284	284	100%	8e-97	99%	BAD97112.1
<input type="checkbox"/>	PREDICTED: hemoglobin subunit alpha [Rhinopithecus roxellana]	283	283	100%	9e-97	99%	XP_010380159.1
<input type="checkbox"/>	hemoglobin subunit alpha [Pongo abelii]	283	283	100%	1e-96	99%	XP_024089067.1
<input type="checkbox"/>	hemoglobin alpha 1 [Homo sapiens]	283	283	100%	1e-96	99%	AFI57164.1
<input type="checkbox"/>	Chain A. Hemoglobin (Alpha V1m) Mutant	283	283	99%	2e-96	99%	1BZZ_A
<input type="checkbox"/>	Chain A. Carbonmonoxy Structure Of Hemoglobin Evans Alphav62mbetawt	283	283	99%	2e-96	99%	4MQC_A
<input type="checkbox"/>	Chain A. R-State Human Carbonmonoxyhemoglobin Alpha-A53s	283	283	99%	2e-96	99%	1AJ9_A
<input type="checkbox"/>	Chain A. Structure Of The Human Hemoglobin Mutant Hb Providence (a-gly-c:v1m; B.d:v1m.k82d; Ferrous_Carbonmonoxy Bound)	282	282	99%	2e-96		
<input type="checkbox"/>	RefName: Full=Hemoglobin subunit alpha; AltName: Full=Alpha-globin; AltName: Full=Hemoglobin alpha chain	282	282	99%	3e-96		

Questions/comments