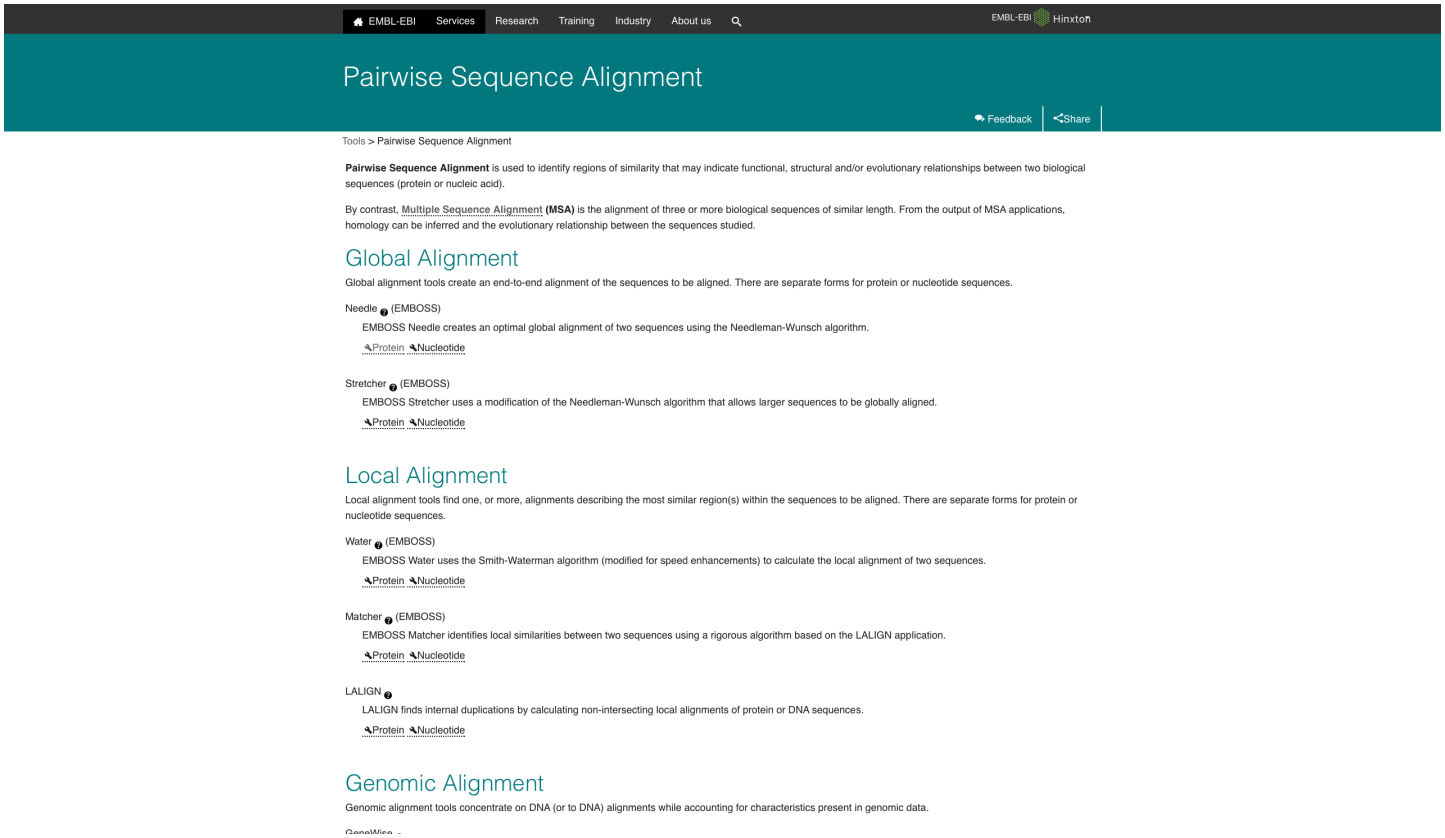
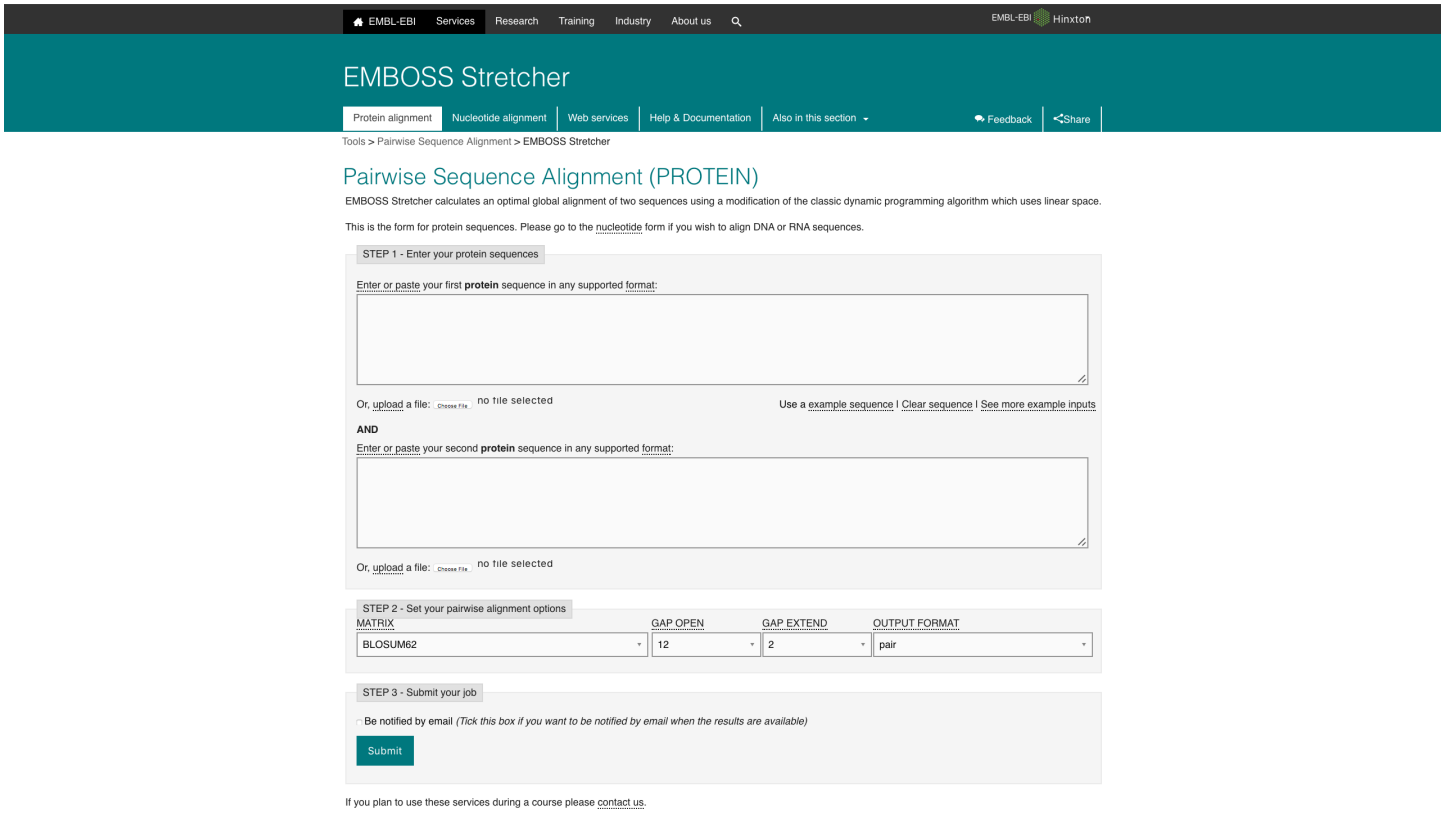
لیست ابزار های مورد استفاده

۱- Pairwise alignment: برای مقایسه‌ی دوتایی توالی ها استفاده میشود.

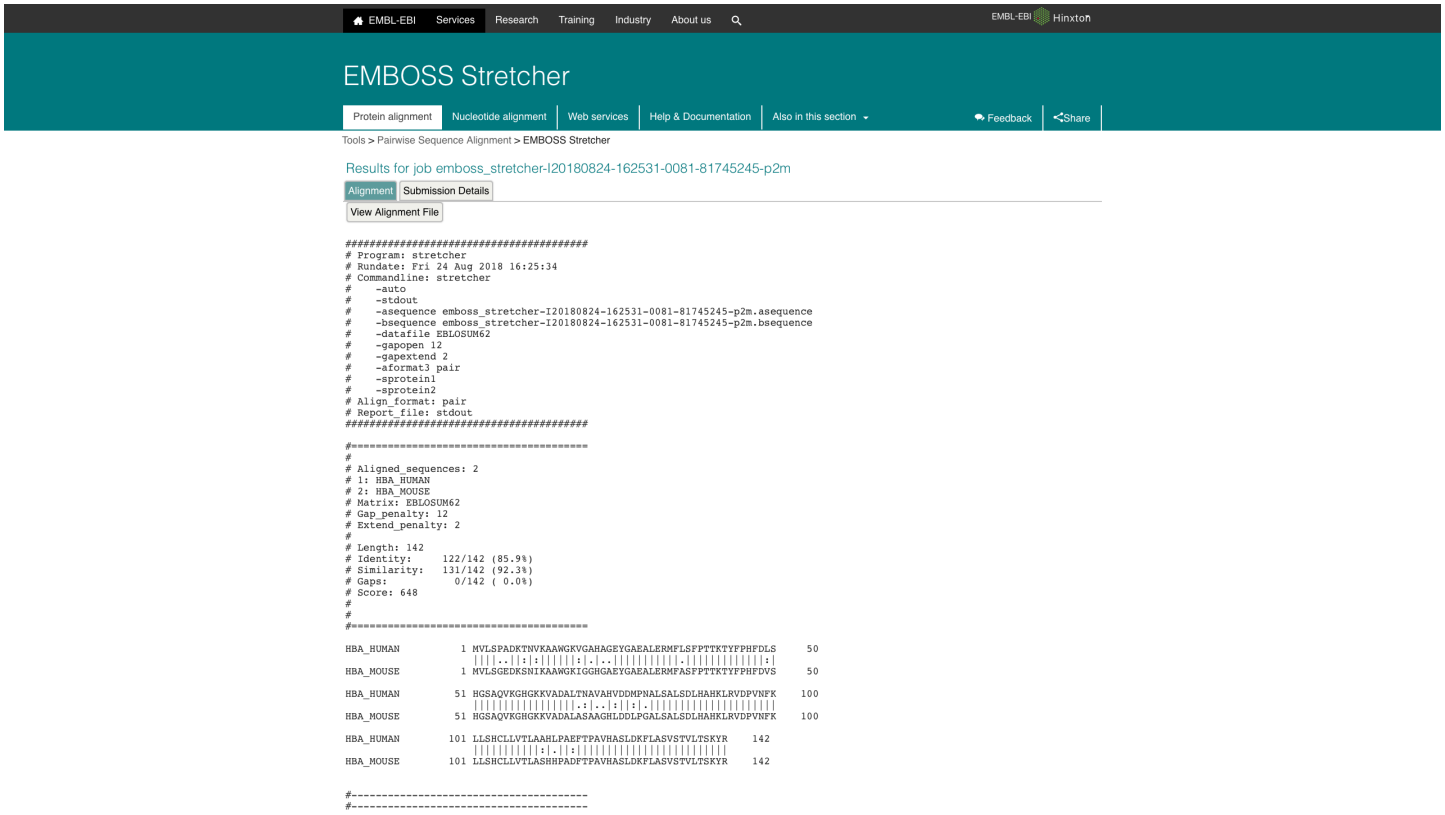
برای استفاده از این ابزار مرورگر خود را بر روی آدرس ebi.ac.uk/tools/psa قرار دهید. در این صفحه الگوریتم های مختلف برای همراستایی توالی ها وجود دارد که هر کدام را میتوان بر روی توالی های نوکلئوتیدی یا آمینواسیدی اجرا کرد.



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



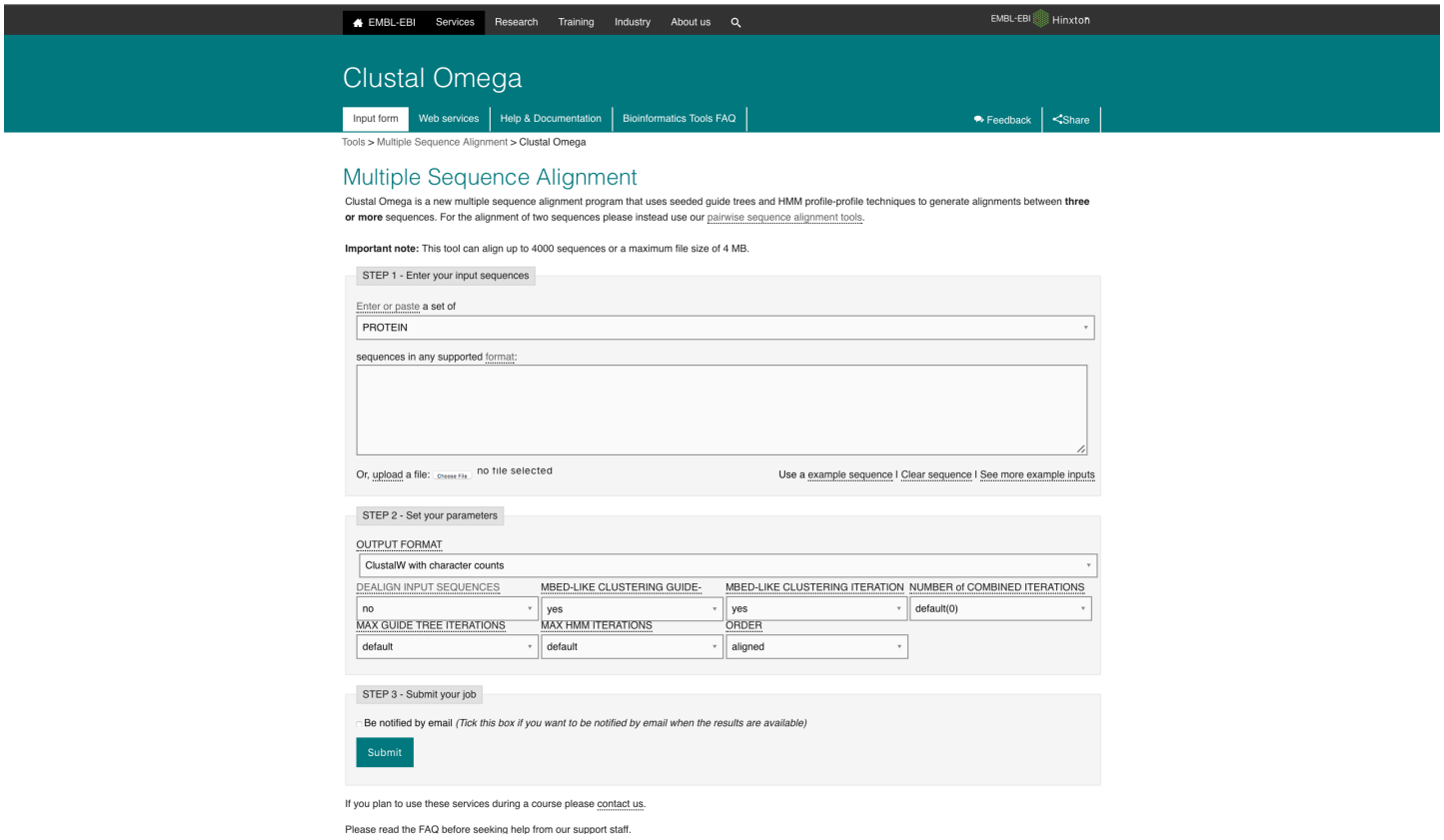
توالی های FASTA خود را در پنجره های مربطه کپی کنید. با کلیک کردن روی دکمه‌ی more options میتوانید تنظیمات همراستایی را از حالت پیش فرض تغییر دهید. ماتریس جهش مورد استفاده و گپ پنالتی از جمله این موارد هستند. در آخر دکمه‌ی submit را زده و منتظر شوید تا همراستایی انجام شود. در پایان با چنین صفحه ای مواجه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



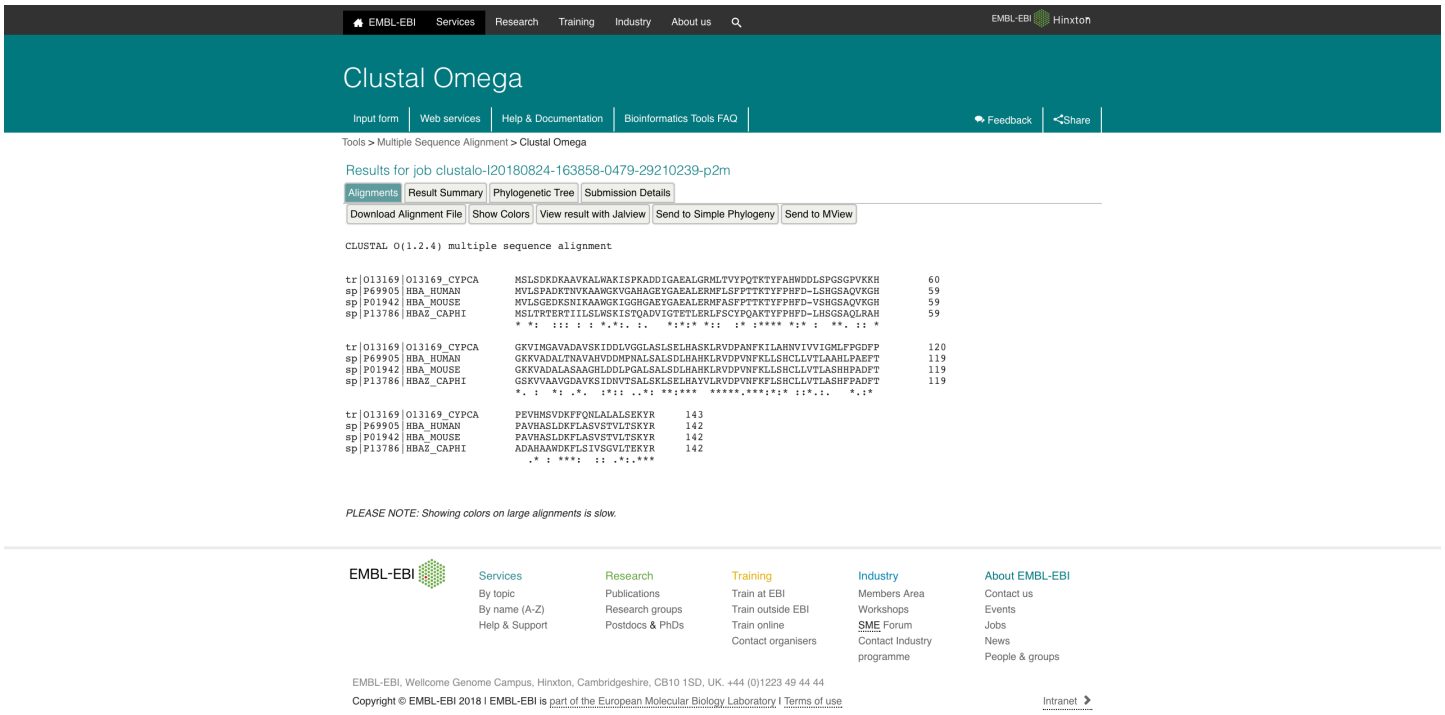
۲- Multiple alignment: با استفاده از این ابزار میتوانید چندین توالی را با هم مقایسه کنید. امکان استفاده از خروجی این نوع همراستایی برای کشیدن درخت فیلوژنتیک نیز وجود دارد.

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 مقایسه‌ی چند توالی پروتئین استفاده میکنیم.

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.



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 همراستایی انجام شده به شما میدهد.

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

Results for job clustalo-I20180824-163858-0479-29210239-p2m

Alignments | Result Summary | Phylogenetic Tree | Submission Details

Input Sequences
clustalo-I20180824-163858-0479-29210239-p2m.input
Tool Output
clustalo-I20180824-163858-0479-29210239-p2m.output
Alignment in CLUSTAL format with base/residue numbering
clustalo-I20180824-163858-0479-29210239-p2m.clustal_num
Phylogenetic Tree
clustalo-I20180824-163858-0479-29210239-p2m.ph
Percent Identity Matrix
clustalo-I20180824-163858-0479-29210239-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 I EMBL-EBI is part of the European Molecular Biology Laboratory I Terms of use
Intranet

- با کلیک کردن بر روی لینک Percent Identity Matrix میتوانید درصد تشابه هر جفت توالی را ببینید.

```
#
#  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
```

- برای رسم درخت فیلوژنتیک باید بر روی تب Send to simple phylogeny کلیک کنید. این برنامه از نتیجه همراستایی 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 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-I20180824-163858-0479-29210239-p2m

Or, upload a file: Choose File no file selected

Use a example sequence I Clear sequence I 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

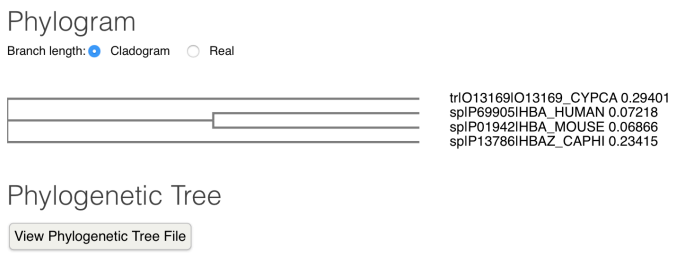
Be notified by email *(Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)*

Submit

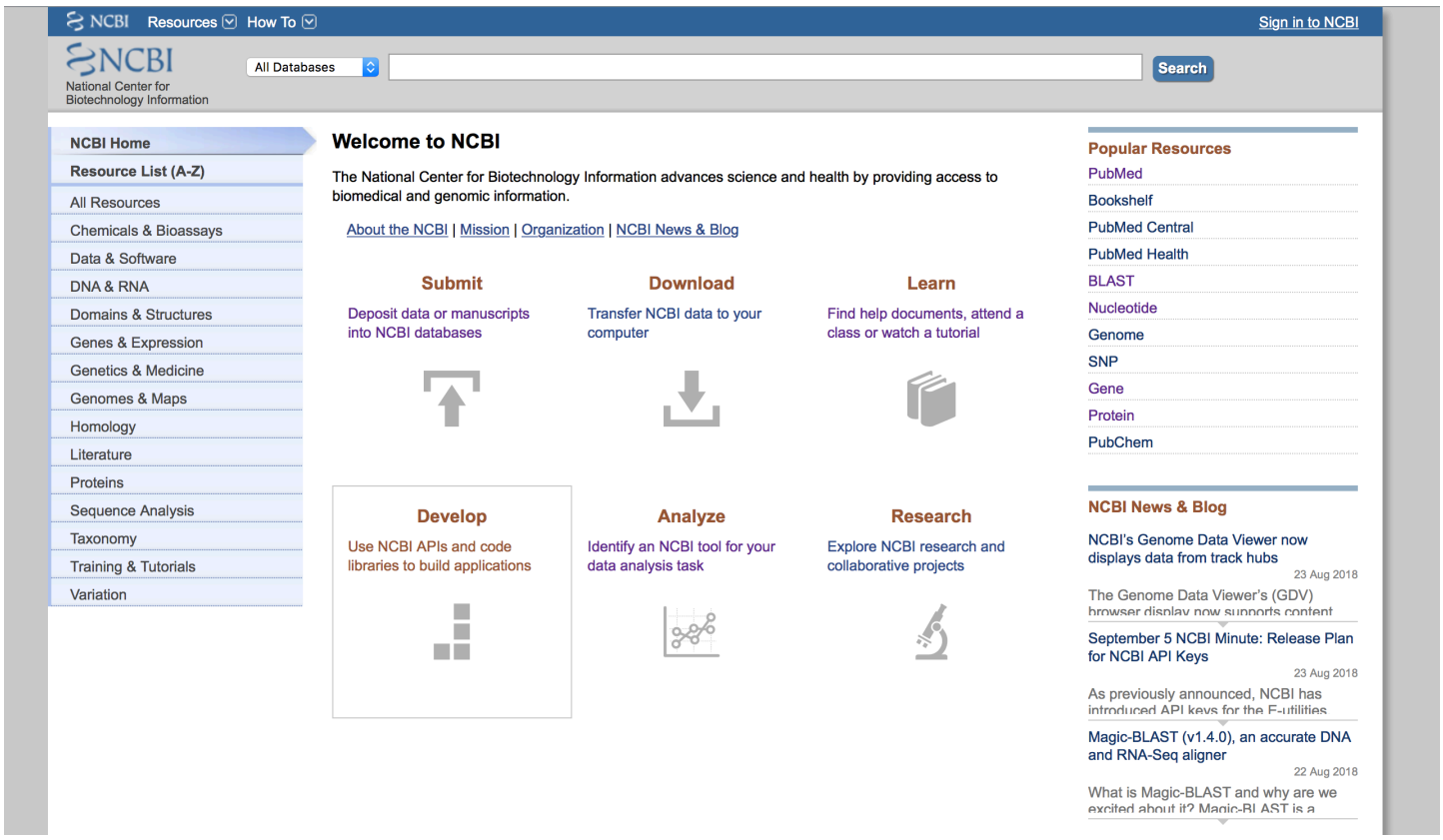
If you plan to use these services during a course please contact us.

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

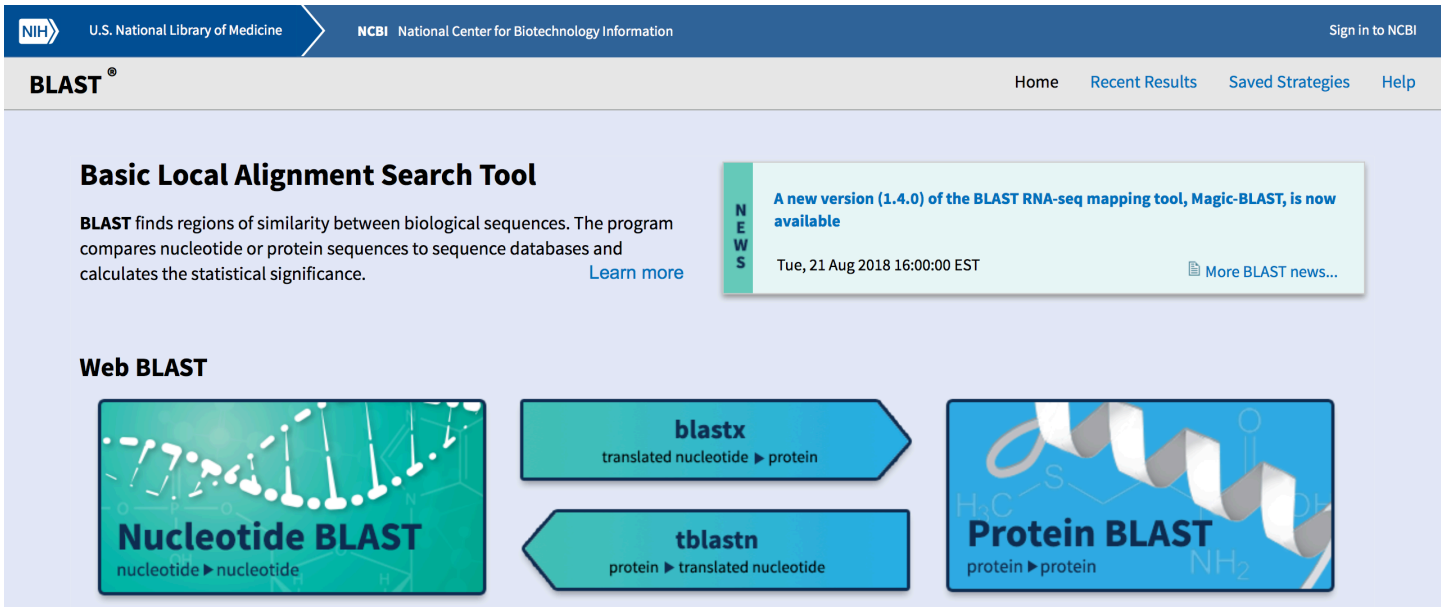
- خروجی این ابزار به شکل روبرو است. نام هر شاخه اولین خط در توالی FASTA ای است که به نرم افزار Multiple Aignment داده شده است. شما میتوانید طول شاخه ها تغییر دهید تا نسبت های واقعی آنها را مشاهده کنید و درخت حاصل را ذخیره کنید.



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



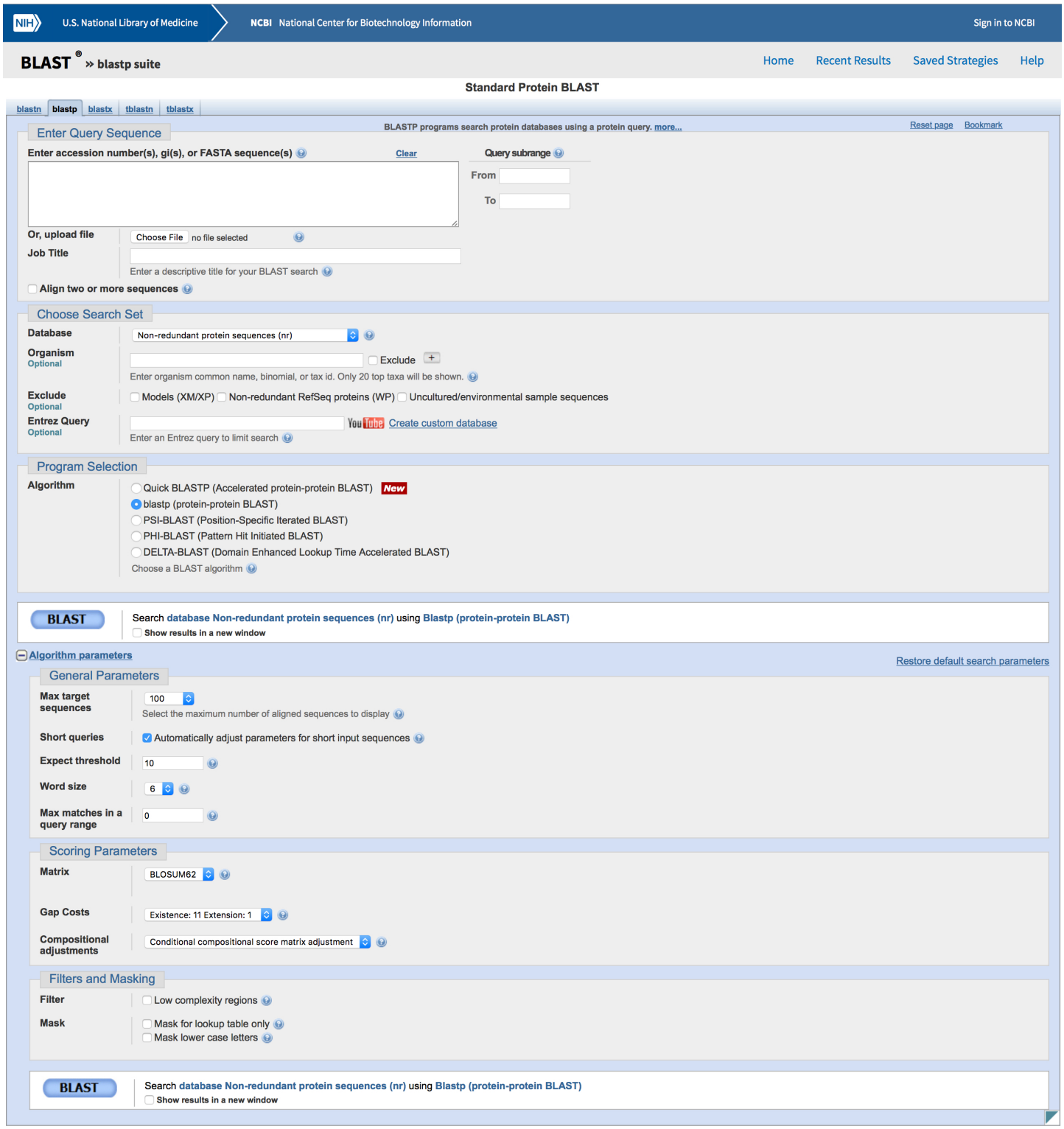
برای استفاده از این الگوریتم جستجو، آدرس ncbi.nlm.nih.gov را در مرورگر وارد کنید و از قسمت Popular Resources بر روی لینک BLAST کلیک کنید. در این صفحه باید نوع BLAST را انتخاب کنید. برای جستجوی یک توالی نوکلئوتیدی در پایگاه داده نوکلئوتید از Nucleotide BLAST و برای جستجوی یک توالی پروتئینی در پایگاه داده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



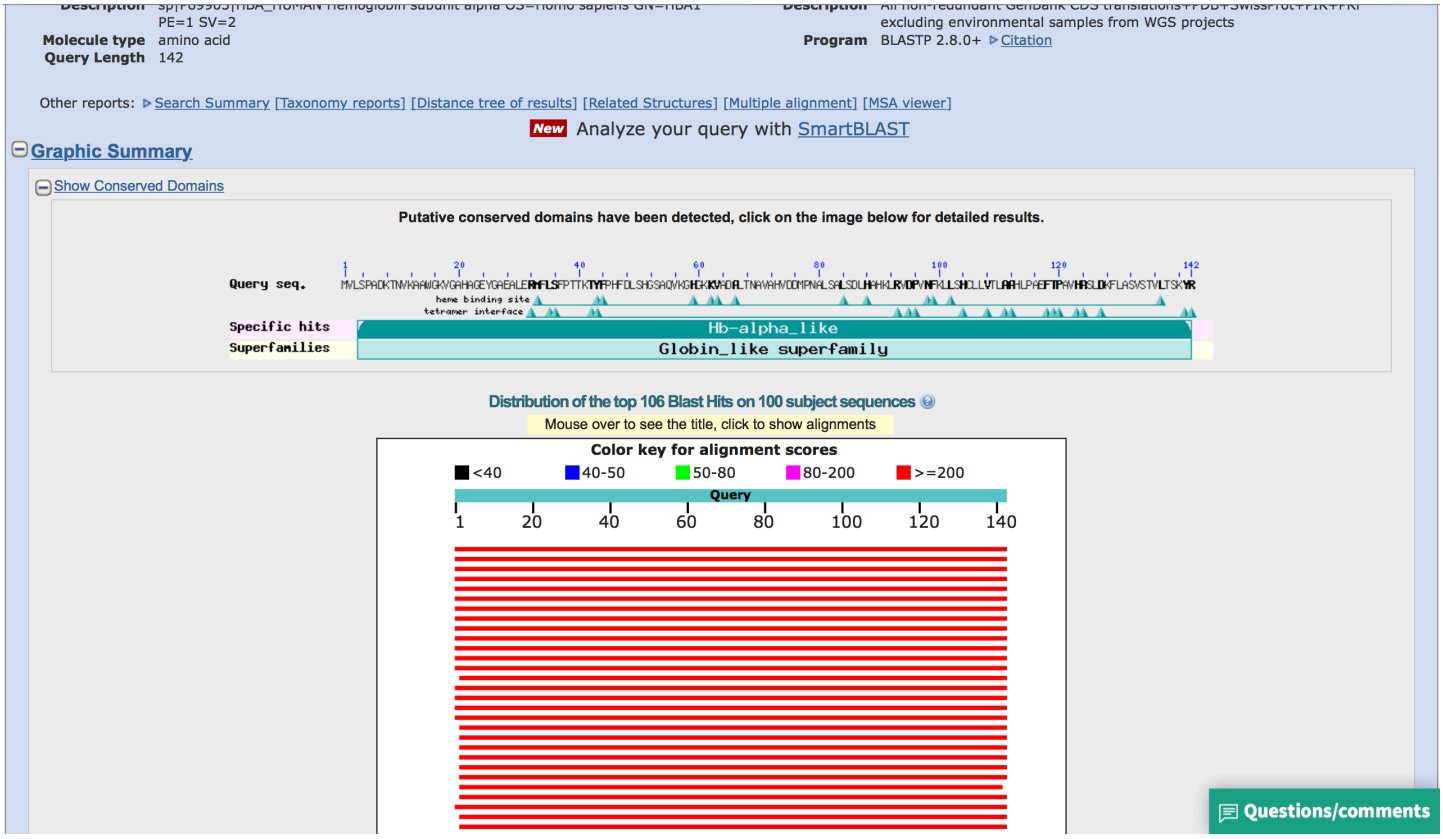
در این مثال Protein BLAST نمایش داده شده است. در صفحه‌ی حاصل میتوانید جستجوی خود را انجام دهید و تنظیمات را تغییر دهید.

- 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 امتیاز های منفی شروع و ادامه‌ی گپ را مشخص میکند.

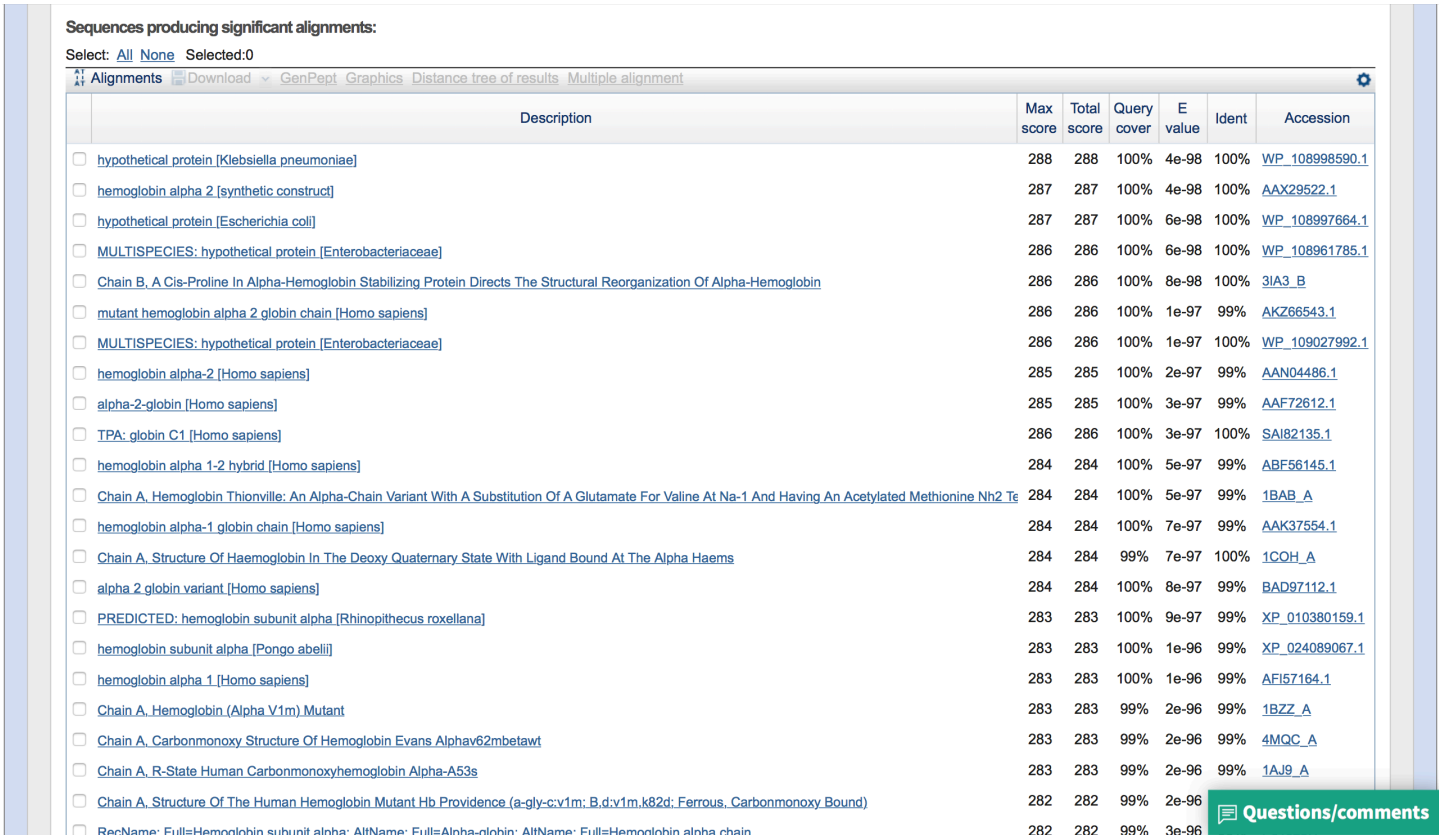
پس از اعمال تمامی تنظیمات خود روی دکمه‌ی BLAST کلیک کنید و صبر کنید تا جستجو تمام شود.



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
hypothetical protein [Klebsiella pneumoniae]	288	288	100%	4e-98	100%	WP_108998590.1
hemoglobin alpha 2 [synthetic construct]	287	287	100%	4e-98	100%	AAX29522.1
hypothetical protein [Escherichia coli]	287	287	100%	6e-98	100%	WP_108997664.1
MULTISPECIES: hypothetical protein [Enterobacteriaceae]	286	286	100%	6e-98	100%	WP_108961785.1
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
mutant hemoglobin alpha 2 globin chain [Homo sapiens]	286	286	100%	1e-97	99%	AKZ66543.1
MULTISPECIES: hypothetical protein [Enterobacteriaceae]	286	286	100%	1e-97	100%	WP_109027992.1
hemoglobin alpha-2 [Homo sapiens]	285	285	100%	2e-97	99%	AAN04486.1
alpha-2-globin [Homo sapiens]	285	285	100%	3e-97	99%	AAF72612.1
TPA: globin C1 [Homo sapiens]	286	286	100%	3e-97	100%	SAI82135.1
hemoglobin alpha 1-2 hybrid [Homo sapiens]	284	284	100%	5e-97	99%	ABF56145.1
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
hemoglobin alpha-1 globin chain [Homo sapiens]	284	284	100%	7e-97	99%	AAK37554.1
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
alpha 2 globin variant [Homo sapiens]	284	284	100%	8e-97	99%	BAD97112.1
PREDICTED: hemoglobin subunit alpha [Rhinopithecus roxellana]	283	283	100%	9e-97	99%	XP_010380159.1
hemoglobin subunit alpha [Pongo abelii]	283	283	100%	1e-96	99%	XP_024089067.1
hemoglobin alpha 1 [Homo sapiens]	283	283	100%	1e-96	99%	AFI57164.1
Chain A, Hemoglobin (Alpha V1m) Mutant	283	283	99%	2e-96	99%	1BZZ_A
Chain A, Carbonmonoxy Structure Of Hemoglobin Evans Alphav62mbetawt	283	283	99%	2e-96	99%	4MQC_A
Chain A, R-State Human Carbonmonoxyhemoglobin Alpha-A53s	283	283	99%	2e-96	99%	1AJ9_A
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		
RecName: Full=Hemoglobin subunit alpha; AltName: Full=Alpha-globin; AltName: Full=Hemoglobin alpha chain	282	282	99%	3e-96		

Questions/comments