

รายงานวิชา SC187002 Practical skills in Biology (PSB)

หัวข้อ NCBI database and BLAST

1. ชื่อผู้ทดลอง ฐาปณีย์ ศรีรัตน์

2. ที่มาและความสำคัญของยีนที่สนใจ

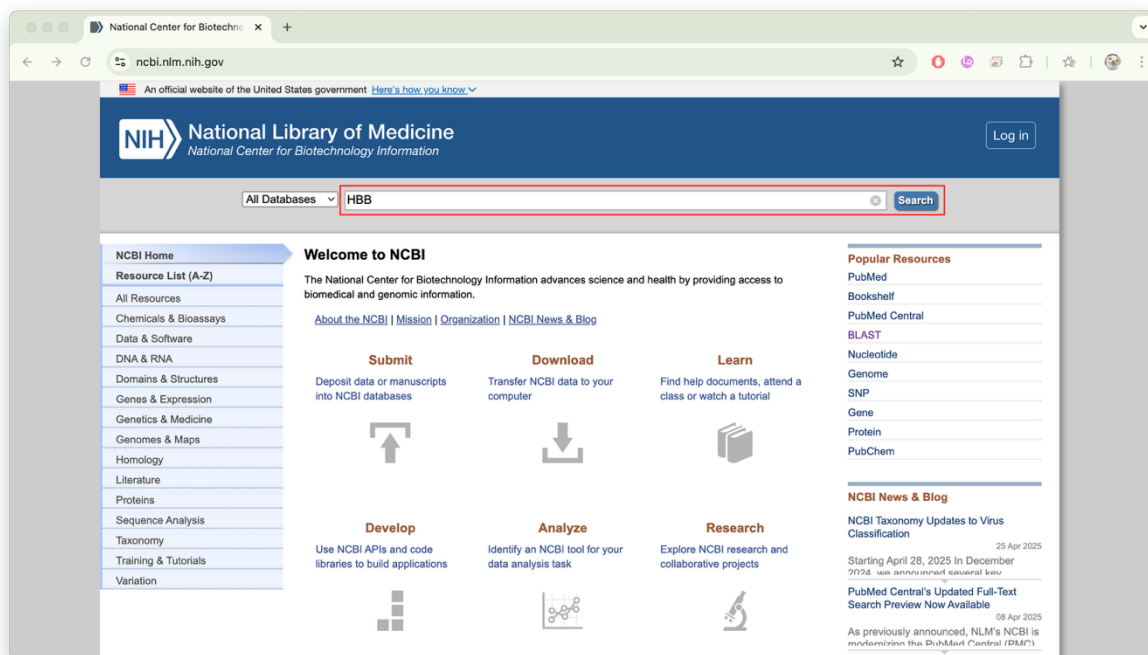
ยีน HBB (Hemoglobin subunit beta) เป็นยีนที่เข้ารหัสโปรตีนที่มีบทบาทสำคัญในการลำเลียงออกซิเจนในกระแสเลือดของสัตว์มีกระดูกสันหลัง ซึ่งประกอบด้วยหน่วยย่อยหลายสาย โดยเฉพาะสายเบตาในฮีโมโกลบิน (Ejaz et al., 2023) เนื่องจากยีนนี้มีความสำคัญต่อการดำรงชีวิต และยังมีการอนุรักษ์บางส่วนร่วมกันระหว่างสปีชีส์ การศึกษายีน HBB จึงมีประโยชน์อย่างยิ่งในการทำความเข้าใจวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต

การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของยีน HBB ระหว่างมนุษย์กับสิ่งมีชีวิตอื่น ๆ เช่น ชิมแปนซี วัว หมู และนก สามารถนำไปสู่การสร้างแผนภูมิต้นไม้วิวัฒนาการ (phylogenetic tree) เพื่อวิเคราะห์ระดับความคล้ายคลึงทางพันธุกรรม ซึ่งช่วยให้เข้าใจถึงบรรพบุรุษร่วมและความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการในสัตว์มีกระดูกสันหลัง (Yang et al., 2023)

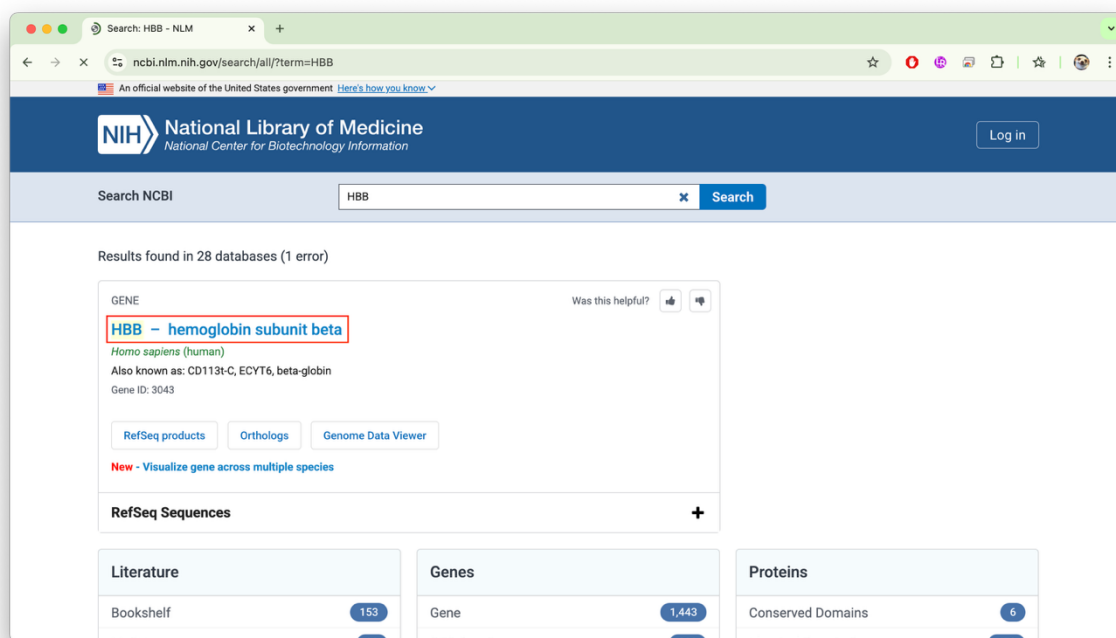
นอกจากนี้ ยีน HBB ยังเป็นเป้าหมายสำคัญในการศึกษาทางการแพทย์ เพราะการกลายพันธุ์ของยีนนี้อาจก่อให้เกิดโรคทางพันธุกรรม เช่น ธาลัสซีเมีย ซึ่งพบได้บ่อยในมนุษย์ (Ejaz et al., 2023) การเปรียบเทียบวิวัฒนาการของยีน HBB กับสิ่งมีชีวิตอื่นจึงสามารถช่วยในการระบุผลกระทบของการกลายพันธุ์และพัฒนาแนวทางการรักษาในอนาคตได้

3. ขั้นตอนการดำเนินงาน

3.1 เข้าไปที่เว็บไซต์ ncbi.nlm.nih.gov แล้วพิมพ์ชื่อยีนที่ต้องการ “HBB” แล้วกด “Search” เพื่อค้นหา



3.2 เมื่อได้ผลลัพธ์มาแล้ว กดเลือกยีนที่เราต้องการ



3.3 เมื่อกดเลือกยีนที่ต้องการแล้วจะไปที่หน้าข้อมูลพื้นฐานของยีน เลือกหัวข้อ “NCBI Reference Sequences (RefSeq)”

Gene:

Full Report

HBB hemoglobin subunit beta [*Homo sapiens* (human)]

Gene ID: 3043, updated on 13-Apr-2025

Summary

Official Symbol HBB provided by HGNC
Official Full Name hemoglobin subunit beta provided by HGNC
Primary source HGNC:HGNC:4827
See related Ensembl:ENSG00000244734 MIM:141900 AllianceGenome:HGNC:4827
Gene type protein coding
RefSeq status REVIEWED
Organism [Homo sapiens](#)
Lineage Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorhini; Catarrhini; Hominoidea; Homo
Also known as ECTF6; CD113C; beta-globin
Summary The alpha (HBA) and beta (HBB) loci determine the structure of the 2 types of polypeptide chains in adult hemoglobin, Hb A. The normal adult hemoglobin tetramer consists of two alpha chains and two beta chains. Mutant beta globin causes sickle cell anemia. Absence of beta chain causes beta-zero-thalassemia. Reduced amounts of detectable beta globin causes beta-plus-thalassemia. The order of the genes in the beta-globin cluster is 5'-epsilon - gamma-G - gamma-A - delta - beta-3'. [provided by RefSeq, Jul 2008]
Orthologs [all](#)
 [Try the new Gene table](#)
 [Try the new Transcript table](#)

Genomic context

Location: 11p15.4
 Exon count: 3

See HBB in [Genome Data Viewer](#)

Table of contents

- Summary
- Genomic context
- Genomic regions, transcripts, and products
- Expression
- Bibliography
- Phenotypes
- Variation
- HIV-1 interactions
- Pathways from PubChem
- Interactions
- General gene information
- Markers, Related pseudogene(s), Homology, Gene Ontology
- General protein information
- NCBI Reference Sequences (RefSeq)
- Related sequences
- Additional links
- Locus-specific Databases

Genome Browsers

Genome Data Viewer

3.4 เลือก “NP_000509.1” เพื่อดูข้อมูลรายละเอียดของโปรตีน

NCBI Reference Sequences (RefSeq)

[Try the new Transcript table](#)

RefSeqs maintained independently of Annotated Genomes

These reference sequences exist independently of genome builds. [Explain](#)

Genomic

1. **NG_059281.1 RefSeqGene**

Range: 5001..6608
 Download: [GenBank](#), [FASTA](#), [Sequence Viewer \(Graphics\)](#), [LRG_1232](#)

mRNA and Protein(s)

1. **NM_000518.5 - NP_000509.1 hemoglobin subunit beta**

[See identical proteins and their annotated locations for NP_000509.1](#)

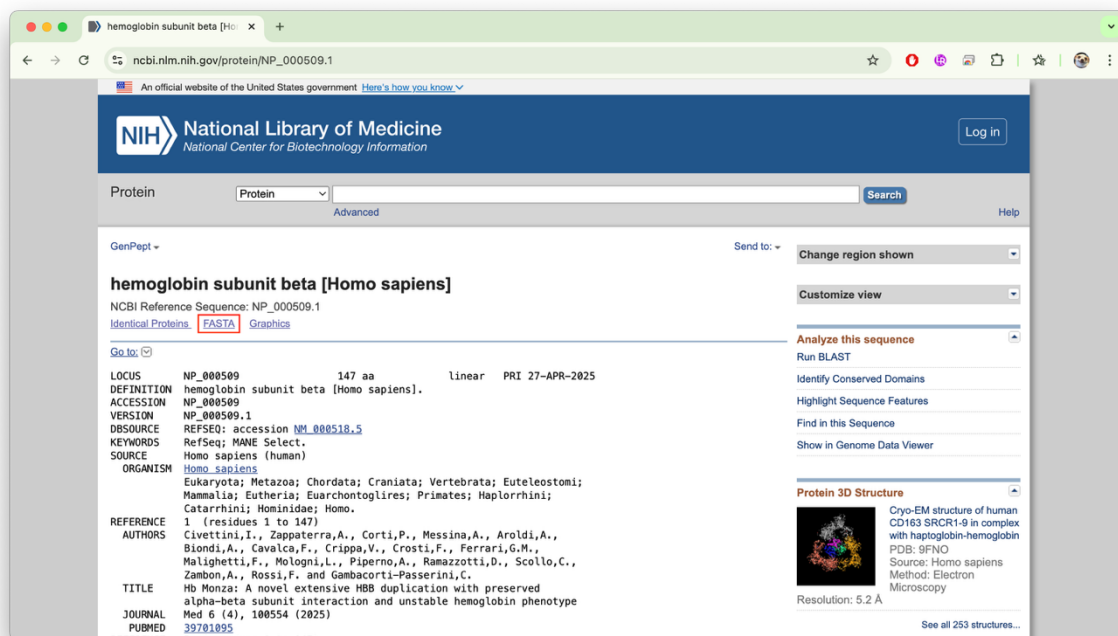
Status: REVIEWED

Source sequence(s): [AK311825.BU661647](#)
 Consensus CDS: [CCDS37733.1](#)
 UniProtKB/Swiss-Prot: [A4G373](#), [B2ZUE0](#), [P02023](#), [P68871](#), [Q13852](#), [Q14481](#), [Q14510](#), [Q45KT0](#), [Q549N7](#), [Q6FJ06](#), [Q6R7N2](#), [Q8IZ11](#), [Q9BX36](#), [Q9UCD6](#), [Q9UCP8](#), [Q9UCP9](#)
 UniProtKB/TrEMBL: [A0A481SHK9](#), [C8C504](#), [D9YZU5](#)
 Related: [ENSP0000033994.3](#), [ENST00000335295.4](#)
 Conserved Domains (1) [summary](#)
 cd08925 Hb-beta-like; Hemoglobin beta, gamma, delta, epsilon, and related Hb subunits
 Location: 8 -> 146

RefSeqs of Annotated Genomes: GCF_00001405.40-RS_2024_08

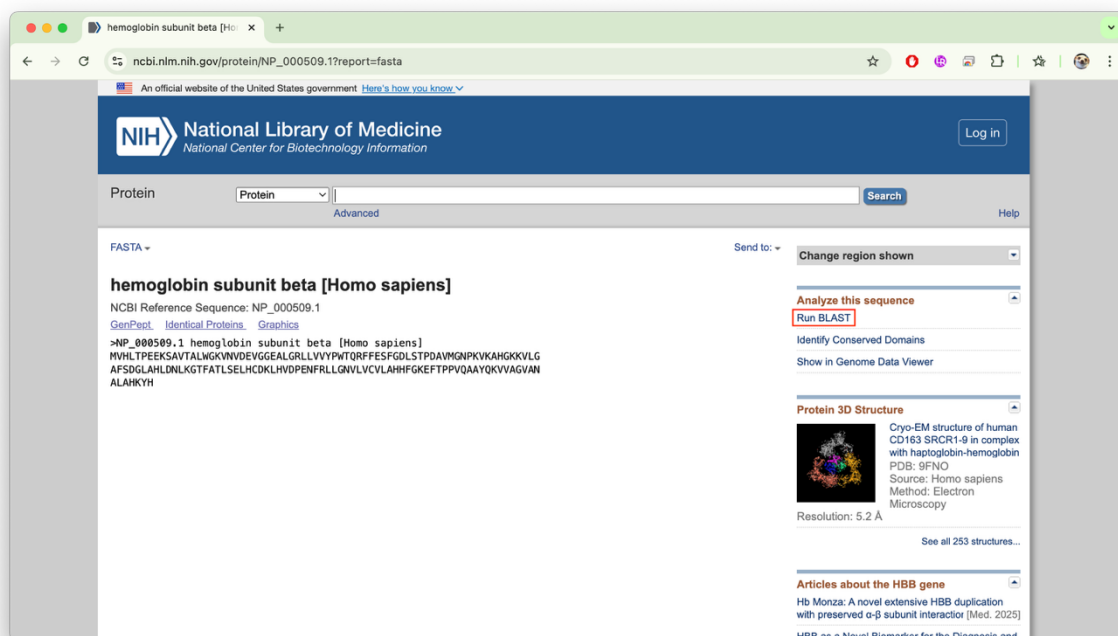
The following sections contain reference sequences that belong to a specific genome build. [Explain](#)

3.5 เลือก “FASTA” เพื่อดูลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนนั้นในรูปแบบ FASTA format



The screenshot shows the NCBI protein page for hemoglobin subunit beta [Homo sapiens] (NP_000509.1). The FASTA format option is highlighted in the 'Identical Proteins' section. The page displays various details including the NCBI Reference Sequence, accession number, version, keywords, and a list of references. The FASTA format option is selected, and the 'Run BLAST' button is visible in the 'Analyze this sequence' section.

3.6 เมื่อมายังหน้า FASTA format ของโปรตีน แล้วเลือก “RUN BLAST” เพื่อรัน BLASTp โดยตรง



The screenshot shows the NCBI protein page for hemoglobin subunit beta [Homo sapiens] (NP_000509.1) in FASTA format. The FASTA format option is selected, and the 'Run BLAST' button is visible in the 'Analyze this sequence' section. The FASTA sequence is displayed, and the 'Run BLAST' button is highlighted. The page also shows the protein 3D structure and articles about the HBB gene.

3.7 เลือกฐานข้อมูลเป็น “Reference proteins” (ไม่ Exclude Non-redundant RefSeq proteins และ Unculture/environmental sample sequences เนื่องจากไม่มีข้อมูล)

Protein BLAST: search protein

blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastp suite

Standard Protein BLAST

blastn blastp blastx tblastn tblastx

BLASTP programs search protein databases using a protein query. more...

Reset page Bookmark

Enter Query Sequence

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

REFNP_000509.1

Query subrange

From To

Or, upload file

Choose file No file chosen

Job Title

refNP_000509.1

Enter a descriptive title for your BLAST search

☐ Align two or more sequences

Choose Search Set

Database

☒ Standard databases (nr etc.) ☐ Experimental databases

* Reference proteins (refseq_protein)

Organism

Optional

Enter organism name or id-completions will be suggested

☐ exclude Add organism

Exclude

Optional

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

Program Selection

Algorithm

☒ 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 refseq_protein using Blastp (protein-protein BLAST)

☐ Show results in a new window

3.8 เลือก Max target sequences เป็น “50” แล้วกด “BLAST”

Protein BLAST: search protein

blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

Note: Parameter values that differ from the default are highlighted in yellow and marked with a sign

Algorithm parameters

General Parameters

Max target sequences

50

Select the maximum number of aligned sequences to display

Short queries

☒ Automatically adjust parameters for short input sequences

Expect threshold

0.05

Word size

5

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 refseq_protein using Blastp (protein-protein BLAST)

☐ Show results in a new window

FOLLOW NCBI

3.9 จะได้น้าข้อมูลที่ได้จากการ Run Blast

NCBI Blast:refNP_000509.1

blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

An official website of the United States government [Here's how you know](#)

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Log in

BLAST® » blastp suite » results for RID-1BH26HDB016

Home Recent Results Saved Strategies Help

[Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary](#)

How to read this report? [BLAST Help Videos](#) [Back to Traditional Results Page](#)

Job Title refNP_000509.1

RID 1BH26HDB016 Search expires on 05-04 15:22 pm [Download All](#)

Program BLASTP [Citation](#)

Database refseq_protein [See details](#)

Query ID NP_000509.1

Description hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]

Molecule type amino acid

Query Length 147

Other reports [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA viewer](#)

Filter Results

Organism only top 20 will appear ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[Add organism](#)

Percent Identity to E value to Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Select columns Show 50

☒ select all 50 sequences selected

[GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA Viewer](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]	Homo sapiens	301	301	100%	5e-103	100.00%	147	NP_000509.1
hemoglobin subunit beta [Gorilla gorilla gorilla]	Gorilla gorilla gorilla	300	300	100%	2e-102	99.32%	147	XP_018891709.1
hemoglobin subunit beta [Pongo abelii]	Pongo abelii	296	296	100%	2e-101	98.64%	147	XP_002822173.1
hemoglobin subunit beta [Nomascus leucogenys]	Nomascus leucogenys	295	295	100%	2e-100	97.96%	147	XP_004090697.3
hemoglobin subunit beta [Trachypithecus francoisi]	Trachypithecus francoisi	294	294	100%	2e-100	97.28%	147	XP_033062959.1
PREDICTED: hemoglobin subunit beta [Rhinopithecus bieti]	Rhinopithecus bieti	293	293	100%	9e-100	96.60%	147	XP_017717110.1
hemoglobin subunit beta [Chlorocebus sabaeus]	Chlorocebus sabaeus	291	291	100%	2e-99	95.92%	147	NP_001316847.1
PREDICTED: hemoglobin subunit beta [Colobus angolensis palliatus]	Colobus angolensis palliatus	291	291	100%	3e-99	95.92%	147	XP_011818991.1
hemoglobin subunit beta [Rhinopithecus roxellana]	Rhinopithecus roxellana	290	290	100%	7e-99	95.92%	147	XP_010361646.1
hemoglobin subunit beta [Cercopithecus atys]	Cercopithecus atys	289	289	100%	2e-98	95.24%	147	NP_001292888.1
hemoglobin subunit beta [Callithrix jacchus]	Callithrix jacchus	288	288	100%	5e-98	96.80%	147	XP_002754937.1
hemoglobin subunit beta [Macaca mulatta]	Macaca mulatta	288	288	100%	7e-98	94.56%	147	NP_001157900.1
hemoglobin subunit beta [Sapajus apella]	Sapajus apella	288	288	100%	8e-98	95.24%	147	XP_032096415.1
hemoglobin subunit beta [Aotus nancymaae]	Aotus nancymaae	288	288	100%	9e-98	95.24%	147	XP_012312232.1
hemoglobin subunit beta [Ptilocobus leproscetes]	Ptilocobus leproscetes	286	286	100%	2e-97	94.56%	147	XP_023065381.1
hemoglobin subunit beta [Papio anubis]	Papio anubis	286	286	100%	4e-97	94.56%	147	NP_001162318.1
hemoglobin subunit beta [Cebus imitator]	Cebus imitator	285	285	100%	5e-97	94.56%	147	XP_017362775.1

[Feedback](#)

NCBI Blast:refNP_000509.1

blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

An official website of the United States government [Here's how you know](#)

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Log in

BLAST® » blastp suite » results for RID-1BH26HDB016

Home Recent Results Saved Strategies Help

[Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary](#)

How to read this report? [BLAST Help Videos](#) [Back to Traditional Results Page](#)

Job Title refNP_000509.1

RID 1BH26HDB016 Search expires on 05-04 15:22 pm [Download All](#)

Program BLASTP [Citation](#)

Database refseq_protein [See details](#)

Query ID NP_000509.1

Description hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]

Molecule type amino acid

Query Length 147

Other reports [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA viewer](#)

Filter Results

Organism only top 20 will appear ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[Add organism](#)

Percent Identity to E value to Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Select columns Show 50

☒ select all 50 sequences selected

[GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA Viewer](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]	Homo sapiens	301	301	100%	5e-103	100.00%	147	NP_000509.1
hemoglobin subunit beta [Gorilla gorilla gorilla]	Gorilla gorilla gorilla	300	300	100%	2e-102	99.32%	147	XP_018891709.1
hemoglobin subunit beta [Pongo abelii]	Pongo abelii	296	296	100%	2e-101	98.64%	147	XP_002822173.1
hemoglobin subunit beta [Nomascus leucogenys]	Nomascus leucogenys	295	295	100%	2e-100	97.96%	147	XP_004090697.3
hemoglobin subunit beta [Trachypithecus francoisi]	Trachypithecus francoisi	294	294	100%	2e-100	97.28%	147	XP_033062959.1
PREDICTED: hemoglobin subunit beta [Rhinopithecus bieti]	Rhinopithecus bieti	293	293	100%	9e-100	96.60%	147	XP_017717110.1
hemoglobin subunit beta [Chlorocebus sabaeus]	Chlorocebus sabaeus	291	291	100%	2e-99	95.92%	147	NP_001316847.1
PREDICTED: hemoglobin subunit beta [Colobus angolensis palliatus]	Colobus angolensis palliatus	291	291	100%	3e-99	95.92%	147	XP_011818991.1
hemoglobin subunit beta [Rhinopithecus roxellana]	Rhinopithecus roxellana	290	290	100%	7e-99	95.92%	147	XP_010361646.1
hemoglobin subunit beta [Cercopithecus atys]	Cercopithecus atys	289	289	100%	2e-98	95.24%	147	NP_001292888.1
hemoglobin subunit beta [Callithrix jacchus]	Callithrix jacchus	288	288	100%	5e-98	96.80%	147	XP_002754937.1
hemoglobin subunit beta [Macaca mulatta]	Macaca mulatta	288	288	100%	7e-98	94.56%	147	NP_001157900.1
hemoglobin subunit beta [Sapajus apella]	Sapajus apella	288	288	100%	8e-98	95.24%	147	XP_032096415.1
hemoglobin subunit beta [Aotus nancymaae]	Aotus nancymaae	288	288	100%	9e-98	95.24%	147	XP_012312232.1
hemoglobin subunit beta [Ptilocobus leproscetes]	Ptilocobus leproscetes	286	286	100%	2e-97	94.56%	147	XP_023065381.1
hemoglobin subunit beta [Papio anubis]	Papio anubis	286	286	100%	4e-97	94.56%	147	NP_001162318.1
hemoglobin subunit beta [Cebus imitator]	Cebus imitator	285	285	100%	5e-97	94.56%	147	XP_017362775.1

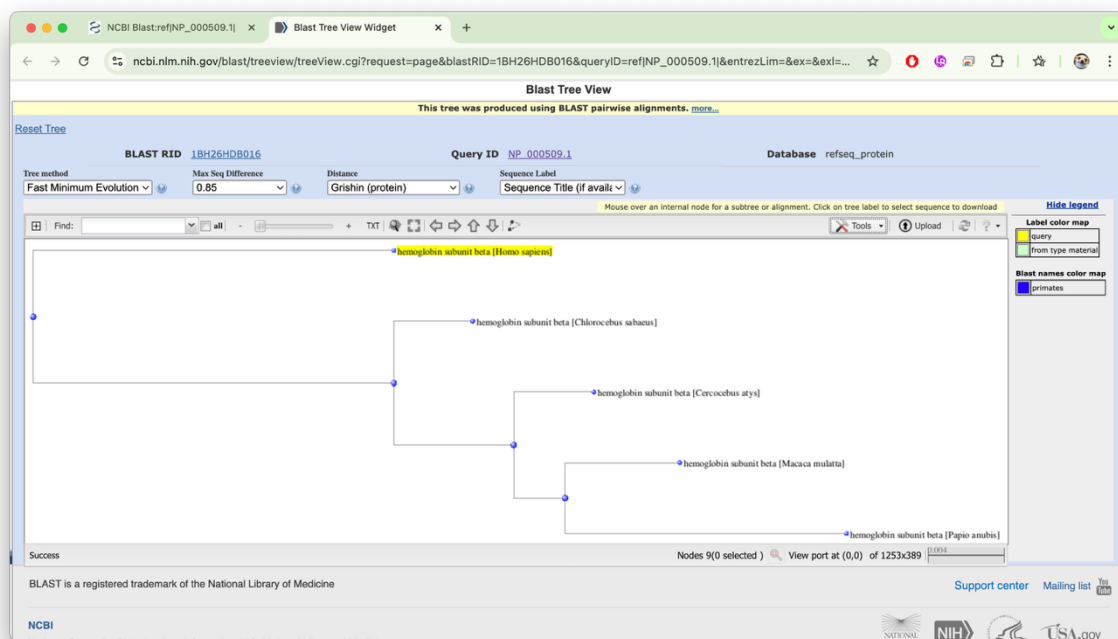
[Feedback](#)

3.10 เลือกลำดับกรดอะมิโนจากสิ่งมีชีวิต 5 ชนิดที่ต้องการเปรียบเทียบ แล้วกด “Distance tree of results” เพื่อสร้าง Phylogenetic Tree

The screenshot shows the NCBI Blastref interface with the 'Descriptions' tab selected. A table lists sequences producing significant alignments. The 'Distance tree of results' button is highlighted in the top navigation bar.

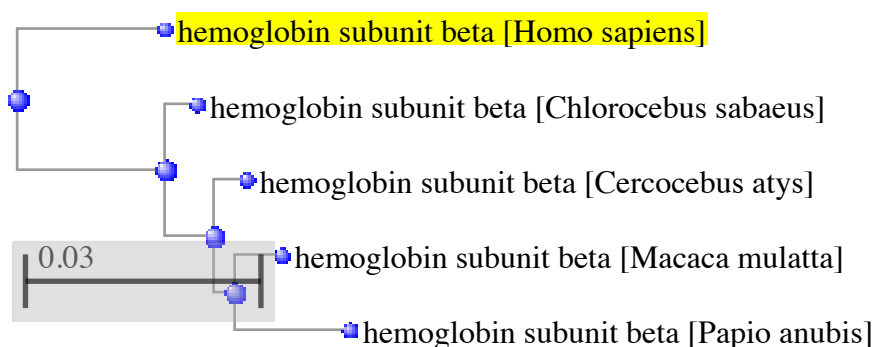
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]	<i>Homo sapiens</i>	301	301	100%	5e-103	100.00%	147	NP_000509.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Gorilla gorilla gorilla]	<i>Gorilla gorilla gorilla</i>	300	300	100%	2e-102	99.32%	147	XP_018891709.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Pongo abelii]	<i>Pongo abelii</i>	296	296	100%	2e-101	98.64%	147	XP_002822173.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Nomascus leucogenys]	<i>Nomascus leucogenys</i>	295	295	100%	2e-100	97.96%	147	XP_004090697.3
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Trachypithecus francoisi]	<i>Trachypithecus francoisi</i>	294	294	100%	2e-100	97.28%	147	XP_033062959.1
<input type="checkbox"/> PREDICTED: hemoglobin subunit beta [Rhinopithecus bieti]	<i>Rhinopithecus bieti</i>	293	293	100%	9e-100	96.60%	147	XP_017717110.1
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Chlorocebus sabaeus]	<i>Chlorocebus sabaeus</i>	291	291	100%	2e-99	95.92%	147	NP_001316847.1
<input type="checkbox"/> PREDICTED: hemoglobin subunit beta [Colobus angolensis palliatus]	<i>Colobus angolensis palliatus</i>	291	291	100%	3e-99	95.92%	147	XP_011818991.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Rhinopithecus roosei]	<i>Rhinopithecus roosei</i>	290	290	100%	7e-99	95.92%	147	XP_010361646.1
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Cercopithecus aethiops]	<i>Cercopithecus aethiops</i>	289	289	100%	2e-98	95.24%	147	NP_001292888.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Callithrix jacchus]	<i>Callithrix jacchus</i>	288	288	100%	5e-98	96.60%	147	XP_002754937.1
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Macaca mulatta]	<i>Macaca mulatta</i>	288	288	100%	7e-98	94.56%	147	NP_001157900.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Sapajus apella]	<i>Sapajus apella</i>	288	288	100%	8e-98	95.24%	147	XP_032096415.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Aotus nancymae]	<i>Aotus nancymae</i>	288	288	100%	9e-98	95.24%	147	XP_012312232.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Ptilocobus tephroceles]	<i>Ptilocobus tephroceles</i>	286	286	100%	2e-97	94.56%	147	XP_023065381.1
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Papio anubis]	<i>Papio anubis</i>	286	286	100%	4e-97	94.56%	147	NP_001162318.1
<input type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Cebus imitator]	<i>Cebus imitator</i>	285	285	100%	5e-97	94.56%	147	XP_017362775.1

3.11 Phylogenetic Tree ที่ได้จากสิ่งมีชีวิต 5 ชนิด



4. ผลการทดลอง

4.1. Phylogenetic tree ของกรดอะมิโนจากสิ่งมีชีวิต 5 ชนิด ได้แก่ *Homo sapiens*, *Chlorocebus sabaeus*, *Cercocebus atys*, *Macaca mulatta* และ *Papio anubis*



จากผลการวิเคราะห์ลำดับกรดอะมิโนของยีน hemoglobin subunit beta โดยใช้โปรแกรม BLASTp และสร้างแผนภูมิต้นไม้วิวัฒนาการ (phylogenetic tree) พบว่า *Homo sapiens* (มนุษย์) มีความใกล้เคียงทางวิวัฒนาการมากที่สุดกับ *Chlorocebus sabaeus* และ *Cercocebus atys* ตามลำดับ ซึ่งทั้งหมดอยู่ในกลุ่มลิงโลกเก่า (Old World monkeys)

ขณะที่ *Macaca mulatta* (ลิงวอก) และ *Papio anubis* (บาบูน) อยู่ในกลุ่มที่แยกออกจากมนุษย์มากกว่าเล็กน้อย ซึ่งแสดงถึงการมีบรรพบุรุษร่วมกันในลำดับที่ห่างขึ้นไป โดยระยะบนต้นไม้สะท้อนถึงความแตกต่างของลำดับกรดอะมิโนที่พบในยีน HBB

ผลลัพธ์นี้สนับสนุนหลักฐานด้านวิวัฒนาการที่ระบุว่ามนุษย์และลิงบางชนิดมีความเกี่ยวข้องทางพันธุกรรมอย่างใกล้ชิด อันเป็นผลจากการมีบรรพบุรุษร่วมในอดีต

5. ภาคผนวก

5.1. NCBI accession number และลำดับกรดอะมิโนของยีนที่สนใจ

hemoglobin subunit beta [*Homo sapiens*]

>NP_000509.1 hemoglobin subunit beta [*Homo sapiens*]

MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDVGGGALGRLLWYPWTQRFFESFGDLSTPDVAMGNPKVKAHG
KKVLGAFSDDLALDNLKGTATLSELHCDKLHVDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKWAG
VANALAHKYH

อ้างอิง

- Ejaz, S., Abdullah, I., Usman, M., Iqbal, M. A., Munawar, S., Khan, M. I., ... & Hameed, Y. (2023). Mutational analysis of hemoglobin genes and functional characterization of novel variants causing β -thalassemia in Southern Punjab, Pakistan. **Scientific Reports**, **13**, 13236.
- Yang, M., Peng, T., Shao, F., Zhao, Q., & Peng, Z. (2023). Molecular evolution of the hemoglobin gene family across vertebrates. **Genetica**, **151**(2), 231–249.