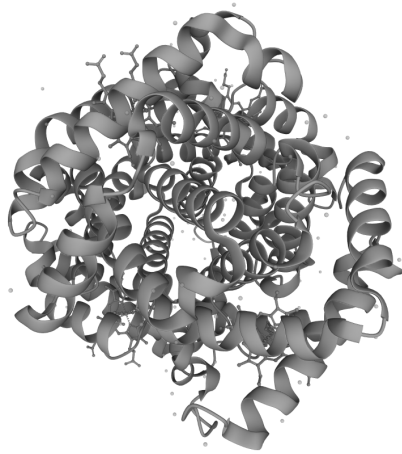


# 7. 용어 정리

- 7장 핵심: Multiple Sequence Alignment(MSA) 다중 서열 정렬  
MSA 단계
  1. 비교할 여러 서열 필요
  2. MSA 실행 - 교재에서는 MUSCLE 툴 사용
  3. MSA의 시각화 과정
- Align.read(파일 또는 파일을 연 객체, 파일종류) → MSA 파일 읽을 수 있음
  - from Bio import AlignIO 모듈 임포트
  - 파일 종류에는 clustal파일, emboss파일, stockholm파일 등
- HBA gene: Hemoglobin A 성인 헤모글로빈, 가장 일반적임, 적혈구의 총 헤모글로빈의 97% 이상 차지함



HBA structure