

CGCACGGCTCTTAACCGTGTGGTCGTGGGTTTCGAGCCCCACGG

CAATCGGCT--TAACCGATTGGTCGCAGGTTCTGAATCCTGCCT

CAGAGGACTGCAAATCCTTTA-TCCCCAGTTCAAATCTGGGTG

Multiple sequence alignment

(((((((.....))))))) .. (((((((.....))))))) .. -20.2

(((((((.....))))))) .. (((((((.....))))))) .. -16.3

. (((((((.....))))))) .. (((((((.....))))))) .. -11.7

((((((((((.....))))))))) .. (((((((.....))))))) .. -18.9

RNAfold: single sequence MFEs

RNAalifold: Consensus MFE

$$\text{SCI} = \frac{\text{Consensus MFE}}{\text{Mean single MFEs}}$$