

CGCACGGCTCTTAACCGTGTGGTCGTGGGTTTCGAGCCCCACGG

CAATCGGCT--TAACCGATTGGTCGCAGGTTCTGAATCCTGCCT

CAGAGGACTGCAAATCCTTTA-TCCCCAGTTCAAATCTGGGTG

Multiple sequence alignment

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

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

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

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

RNAfold: single sequence MFEs

RNAalifold: Consensus MFE

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