



APPENDIX 1

Program Listing

Dialign Function

```
clear;
fprintf('\n');

path=input('path of the input file : ','s');
DNA = textread(path,'%s');
for i=1:length(DNA)
    DNA_L(i) = length(DNA{i});
end
bt=cell(DNA_L(1),DNA_L(2));
score=zeros(DNA_L(1)+1,DNA_L(2)+1);

clc; fprintf('\n');
fprintf('DNA 1 = %s\n',DNA{1});
fprintf('DNA 2 = %s\n',DNA{2});

tic;
%fprintf('\n\t=====
%fprintf('\n\t| (i,j) | k | Prob(l,m) | w |
sigma |\n');
%fprintf('\n\t=====
%fprintf('\n\t=====
for i = 2 : DNA_L(1)+1
    for j = 2 : DNA_L(2)+1
        sigma = zeros(1,min(i-1,j-1));
        sigmaD(i,j) = -1;
        index = 1;
        for k = 1 : min(i-1,j-1)
            l = k;
            comp = DNA{1}(i-k:i-1)==DNA{2}(j-k:j-1);
            m = sum(comp);
            if m == 0
                pr = 0;
                for jml = m+1 : l
                    pr = pr + (1/jml)*(0.25)^jml*(0.75)^(l-
jml);
```

```

        end
        prob = 1-pr;
    else
        prob = 0;
        for jml = m : 1
            prob = prob +
(1/jml)*(0.25)^jml*(0.75)^(1-jml);
        end
    end
    w(k) = -log(prob);
    sigma(k) = score(i-k,j-k) + w(k);
    if (sigma(k)>sigmaD(i,j) | (abs(sigma(k)-
sigmaD(i,j))<=1e-6)
        bt{i-1,j-1}{1}(index,1) = k-1;
        bt{i-1,j-1}{1}(index,2) = m;
        bt{i-1,j-1}{1}(index,3) = sigma(k);
        sigmaD(i,j) = sigma(k);
        index = index+1;
    end
    %fprintf('\t| (%d,%d) | %d | P(%d,%d) = %f | %f
| %f |\n',i-1,j-1,k-1,l,m,prob,w(k),sigma(k));
    end
    score(i,j) = max([score(i,j-1) score(i-1,j)
sigmaD(i,j)]);
    bt{i-1,j-1}{2} = score(i,j);
end
end
%fprintf('\t=====
===== \n');
clear i j k l m n w index jml pr prob;

% BACKTRACK
align = backtrack(bt,DNA_L(1),DNA_L(2),cell(0),[],1);
dispalign(align,DNA,DNA_L);
time = toc;
fprintf('done in %d seconds \n\n',time);

clear i j;
%FINISH

```

Backtrack Function

```
function aligns=backtrack(bt,i,j,aligns,align,lv1)
```

```

% Temporary i dan j, biar ga ketuker
it = i;
jt = j;

% Loop sampai ada i atau j yang 0
while i>=1 & j>=1
    if j-1~=0 & abs(bt{i,j}{2}-bt{i,j-1}{2})<1e-5           %
    Cek kiri
        % Preceed left
        jt = jt-1;
    elseif i-1~=0 & abs(bt{i,j}{2}-bt{i-1,j}{2})<1e-5       %
    Cek atas
        % Preceed up
        it = it-1;
    else
        % sigma maksimum pertama pasti masuk current path
        for k = 1:bt{i,j}{1}(1,1)+1
            align(lvl,:) = [i-k+1 j-k+1];
            lvl = lvl+1;
        end
        it = it-bt{i,j}{1}(1,1)-1;
        jt = jt-bt{i,j}{1}(1,1)-1;

        % Sigma maksimum selanjutnya akan buat path baru
        if size(bt{i,j}{1},1) >= 2
            for k = 2:size(bt{i,j}{1},1)
                % Inisialisasi alignment untuk path
                selanjutnya
                    lvl1 = lvl;
                    next_align = align;
                    for n = 1:bt{i,j}{1}(k,2)-1
                        next_align(lvl1,:) = [i-n j-n];
                        lvl1 = lvl1+1;
                    end

                    % Recursive path baru
                    aligns=backtrack(bt,i-bt{i,j}{1}(k,1)-
1,j-bt{i,j}{1}(k,1)-1,aligns,next_align,lvl1);
                end
            end
        end
        j = jt;
        i = it;
    end
end

```

```

isnewalign = true;
for i = 1:length(aligned)
    if isequal(aligned{i},align)
        isnewalign = false;
        break;
    end
end
end

if isnewalign | length(aligned)==0
    aligned{length(aligned)+1} = align;
end

return

```

Dispalign Function

```

function dispalign(align,dna,dna_len)

for i=1:length(align)
    align{i}=flipud(align{i})';
    [val anchor]=max((align{i}(:,1)));
    fprintf('\nOptimal Alignment %d\n',i);
    mark(1)=0;
    mark(2)=0;
    alignview{i}='';
    for j=1:size(align{i},2)
        for k=1:length(dna)
            if align{i}(k,j)-mark(k)~=1
                for m=mark(k)+1:align{i}(k,j)-1
                    mark(k)=mark(k)+1;
                    s=size(alignview{i},2)+1;
                    if k==1
                        alignview{i}(1,s)=dna{k}(m);
                        alignview{i}(2,s)='-';
                    else
                        alignview{i}(2,s)=dna{k}(m);
                        alignview{i}(1,s)='-';
                    end
                end
            end
        end
    end
    s=size(alignview{i},2)+1;
end

```

```

    alignview{i}(1,s)=dna{1}(align{i}(1,j));
    alignview{i}(2,s)=dna{2}(align{i}(2,j));
    mark=mark+[1 1];
end

for k=1:length(dna)
    for m=align{i}(k,end)+1:length(dna{k})
        s=size(alignview{i},2)+1;
        if k==1
            alignview{i}(1,s)=dna{k}(m);
            alignview{i}(2,s)='-';
        else
            alignview{i}(2,s)=dna{k}(m);
            alignview{i}(1,s)='-';
        end
    end
end

disp(alignview{i});
end

fprintf('\n');
return

```

APPENDIX 2

The resulted optimal sequence alignment for sequence samples in chapter four

A screenshot of a Windows Command Window titled "Command Window". The window has a menu bar with "File", "Edit", "Debug", "Desktop", "Window", and "Help". The main content area displays the following text:

```
DNA 1 = CATGGTGCGCATATGTGGCA
DNA 2 = GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 1
C-ATG-GT-GCGC--AT---AT---GT---G-----GC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 2
CATG-GT-GCGC--AT---AT---GT---G-----GC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 3
C-ATG-GT-GCGC--ATA---T---GT---G-----GC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 4
CATG-GT-GCGC--ATA---T---GT---G-----GC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 5
C-ATG-GT-GCGC--AT---AT--G-T---G-----GC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 6
CATG-GT-GCGC--AT---AT--G-T---G-----GC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 7
C-ATG-GT-GCGC--ATA---T--G-T---G-----GC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG

Optimal Alignment 8
CATG-GT-GCGC--ATA---T--G-T---G-----GC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCTG
```

Figure L.1.a Output display for sequen4

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 9
C-ATG-GT-GCGC--AT---AT---GT-----GGC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 10
CATG-GT-GCGC--AT---AT---GT-----GGC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 11
C-ATG-GT-GCGC--ATA---T---GT-----GGC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 12
CATG-GT-GCGC--ATA---T---GT-----GGC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 13
C-ATG-GT-GCGC--AT---AT--G-T-----GGC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 14
CATG-GT-GCGC--AT---AT--G-T-----GGC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 15
C-ATG-GT-GCGC--ATA---T--G-T-----GGC-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 16
CATG-GT-GCGC--ATA---T--G-T-----GGC-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 17
C-ATG-GT-GCGC--AT---AT---GT---G-G-----C-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

```

Figure L.1.b Output display for sequen4


```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 18
CATG-GT-GCGC--AT---AT---GT---G-G-----C-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 19
C-ATG-GT-GCGC--ATA---T---GT---G-G-----C-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 20
CATG-GT-GCGC--ATA---T---GT---G-G-----C-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 21
C-ATG-GT-GCGC--AT---AT--G-T---G-G-----C-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 22
CATG-GT-GCGC--AT---AT--G-T---G-G-----C-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 23
C-ATG-GT-GCGC--ATA---T--G-T---G-G-----C-A-----
-GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

Optimal Alignment 24
CATG-GT-GCGC--ATA---T--G-T---G-G-----C-A-----
GTTGCGCAGAGCTTATAGGATCAGGTACAGAGAAAAGGGGCGAGTCGTCG

done in 7.500000e-001 seconds

>>

```

Figure L.1.c Output display for sequen4

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

DNA 1 = TGTAATCTGGCAAACCTCTCCCCTA
DNA 2 = CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCGCGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 1
T--GT--A---A---TC---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 2
T-G-T--A---A---TC---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 3
T--GT--A---A-T---C---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 4
T-G-T--A---A-T---C---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 5
T--GT--A---A---TC---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTC-GCGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 6
T-G-T--A---A---TC---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTC-GCGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 7
T--GT--A---A-T---C---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTC-GCGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 8
T-G-T--A---A-T---C---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTC-GCGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

```

Figure L.2.a Output display for sequen5

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 9
T--GT--A---A----TC---TGG---CAA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCGCGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 10
T-G-T--A---A----TC---TGG---CAA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCGCGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 11
T--GT--A---A-T---C---TGG---CAA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCGCGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 12
T-G-T--A---A-T---C---TGG---CAA-C--TC-----TCC----C--C-----TA-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCGCGGCCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 13
T--GT--A---A----TC---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 14
T-G-T--A---A----TC---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 15
T--GT--A---A-T---C---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 16
T-G-T--A---A-T---C---TGG---CAA-A-C--TC-----TCC----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTCG-CGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

Optimal Alignment 17
T--GT--A---A----TC---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCACCTTTTCGGATGGAGTC-GCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTACGCGA

```

Figure L.2.b Output display for sequen5

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 18
T-G-T--A---A---TC---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTC-GCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 19
T--GT--A---A-T---C---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTC-GCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 20
T-G-T--A---A-T---C---TGG---CA-AA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTC-GCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 21
T--GT--A---A---TC---TGG---CAAA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTCGCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 22
T-G-T--A---A---TC---TGG---CAAA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTCGCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 23
T--GT--A---A-T---C---TGG---CAAA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTCGCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

Optimal Alignment 24
T-G-T--A---A-T---C---TGG---CAAA-C--TC-----TCC-----C--C--T---A-----
CAGGTGCAGGCAC TTTTCGGATGGAGTCGCGGCCGTCCGGGGTCAGTTGCAGCAGTGTTACGCGA

done in 1.094000e+000 seconds

>> |

```

Figure L.2.c Output display for sequen5

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

DNA 1 = GCTACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
DNA 2 = ATCACGAATCTTATAGTCACGCCGAGGATG

Optimal Alignment 1
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--AT-----A-----GTCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 2
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--AT-----A-----GTCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 3
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT---TA-T---A-----GTCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 4
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T---TA-T---A-----GTCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 5
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--A-T-----A-----GTCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 6
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--A-T-----A-----GTCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 7
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--AT-----A---G-TCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 8
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--AT-----A---G-TCA-C---G---C---C-----GC--A---G-GA-T-----G--

```

Figure L.3.a Output display for sequen6

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 9
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT---TA-T-----A-----G-TCA-C---G---C---C-----GC---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 10
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T---TA-T-----A-----G-TCA-C---G---C---C-----GC---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 11
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--A-T-----A-----G-TCA-C---G---C---C-----GC---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 12
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--A-T-----A-----G-TCA-C---G---C---C-----GC---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 13
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--AT-----A-----GTCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 14
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--AT-----A-----GTCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 15
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT---TA-T-----A-----GTCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 16
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T---TA-T-----A-----GTCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 17
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--A-T-----A-----GTCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

```

Figure L.3.b Output display for sequen6

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 18
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--A-T-----A-----G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 19
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--AT-----A---G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 20
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--AT-----A---G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 21
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT--TA-T-----A---G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 22
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T--TA-T-----A---G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 23
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-T--CT-T--A-T-----A---G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

Optimal Alignment 24
GCT-ACGGGTGGGACTCGCTGTGTAATGTCGGACAATGGTCAGCCACTGTGGACATTCTTAGTTTGCCTTAAAACCGTGACTCCTTTACAGTG
A-TCACGA-----A-TC--T-T--A-T-----A---G-TCA-C---G---C---C---G---C---A-----G-GA-T-----G--

done in 2.672000e+000 seconds

>> |

```

Figure L.3.c Output display for sequen6

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

DNA 1 = GTTCTGCGCTCAGGAGATAAGACCAACTTAGTGTGGCTCAGTACACTCCCAGTTCGAGCTTC
DNA 2 = TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTAACCCCTCCGGACCTTTGGGAACGCTCAGGAATCAAGGAGCACATGTGTCTAGGCCA

Optimal Alignment 1
-GT-----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 2
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 3
-GT-----T--CT-GCGC--C-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 4
-GT-----TC--T-GCGC--C-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 5
-GT-----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 6
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 7
-GT-----T--CT-GCGC--C-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 8
-GT-----TC--T-GCGC--C-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.a Output display for sequen7


```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help
Optimal Alignment 9
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 10
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 11
-GT----T--CT-GCGC--C-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 12
-GT----TC--T-GCGC--C-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 13
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 14
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 15
-GT----T--CT-GCGC--C-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 16
-GT----TC--T-GCGC--C-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 17
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.b Output display for sequen7

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help
Optimal Alignment 18
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 19
-GT----T--CT-GCGC--C-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 20
-GT----TC--T-GCGC--C-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 21
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 22
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 23
-GT----T--CT-GCGC--C-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 24
-GT----TC--T-GCGC--C-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 25
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 26
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.c Output display for sequen7

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help
Optimal Alignment 27
-GT----T--CT-GCGCT--C-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 28
-GT----TC--T-GCGCT--C-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 29
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 30
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 31
-GT----T--CT-GCGCT--C-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 32
-GT----TC--T-GCGCT--C-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGA-GCTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 33
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 34
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 35
-GT----T--CT-GCGCT--C-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.d Output display for sequen7

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help
Optimal Alignment 36
-GT-----TC--T-GCGCT--C-AGGAG-A-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 37
-GT-----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 38
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 39
-GT-----T--CT-GCGCT--C-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 40
-GT-----TC--T-GCGCT--C-AGGAGA-TA-A-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 41
-GT-----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 42
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 43
-GT-----T--CT-GCGCT--C-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 44
-GT-----TC--T-GCGCT--C-AGGAG-A-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.e Output display for sequen7

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help

Optimal Alignment 45
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 46
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 47
-GT----T--CT-GCGCT--C-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 48
-GT----TC--T-GCGCT--C-AGGAGA-TAA-GACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 49
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 50
-GT----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 51
-GT----T--CT-GCGCT--C-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 52
-GT----TC--T-GCGCT--C-AGGAG-A-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 53
-GT----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.f Output display for sequen7

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help
Optimal Alignment 54
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 55
-GT-----T--CT-GCGCT--C-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 56
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TA-AG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCT-CCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 57
-GT-----T--CT-GCGC--TC-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 58
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 59
-GT-----T--CT-GCGCT--C-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 60
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAG-A-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--A-CCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 61
-GT-----T--CT-GCGC--TC-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 62
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

```

Figure L.4.g Output display for sequen7

```

Command Window
File Edit Debug Desktop Window Help
Optimal Alignment 63
-GT-----T--CT-GCGCT--C-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

Optimal Alignment 64
-GT-----TC--T-GCGC--TC-AGGAGA-TAAG-ACCAACTTAGTGTG---GCTCAGTACACTC-----C-CG-GT-TCGAG-CTTC-
TGAACAACCTCCCTAGCCCTTTCTA--ACCCTCCGGACCT--TT-G-G-GAACGCTCAGGA-A-TCAAGGAGCACATGTGTCTAGGC--CA

done in 5.487650e+002 seconds

```

Figure L.4.h Output display for sequen7