

Einlesen der Sequenzen im FASTA-Format

Alignieren der Sequenzen zur Referenz. Dabei werde inititale seeds mithilfe eines qgram-Index gefunden und anschließend durch Sparse Chaining zu einem globalen Alignment gekettet.

Generieren von *d-Events* aus den Unterschieden zur Referenzsquenz

Zusammenführen derselben d-Events durch aktualisieren des Sequenzvektors

Einteilen der d-Events in abhängige Regionen (dependent regions)

Änderung der Referenz je nach berechnetem Score für die einzelnen d-Events. Der Referenzänderung entsprechende Änderung der d-Events.

```
### Paragraph  
### Paragraph
```

ref ATAACCCCGGGGCCTTTT
Seg1 ATAACCCCGGGG-----

ref ATAACCCCGGGGCCTTTT
Seg2 ATAACCCCGGGGCG----

ATAACCCCGGGGCCTTTT

Seg3 ATAACCCCGGGGCCTTTT

ref

DEL