Sekwencje zawierające braki usunąłem korzystając z wyrażeń regularnych w *Notepad++* (Find: “>.\*\n[^>]\*X[^>]\*(?=>)”, Replace: “”).

Drzewo przewodnie utworzyłem korzystając z programu dostępnego na stronie <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo> .

Do obliczenia uliniowień wykorzystałem napisany przeze mnie algorytm. Z uwagi na duże podobieństwo sekwencji, wykorzystałem macierz *blosum80*. Skorzystałem z macierzy dostępnej w bibliotece *Biopython* (Bio.SubsMat.MatrixInfo). Jako karę za przerwę ustaliłem -6 wzorując się na macierzy dostępnej na stronie ncbi <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/IEB/ToolBox/C_DOC/lxr/source/data/BLOSUM80> .