Mostra o alinhamento das sequencias de forma mais detalhada, deixando evidente os aminoácidos e domínios conservados.

É possível obter um dendrograma em forma de arvore onde se pode perceber quais genes são mais próximos.

PASSO 5 - Número de introns e a posição no genoma
Para esse passo foi usada a ferramenta Genome Data Wiewer o link para a ferramenta já é fornecido pelo COBALT na tabela de sequencias analisadas.

Genome Data Viewer foi usado para se obter a localização de cada gene no genoma das espécies