

Jedným z najzaujímavejších problémov týkajúcich sa gregoriánskeho chorálu je jeho vývoj naprieč storočiami. Objavovanie príbuzných a, naopak, nepríbuzných spevov je nevyhnutným krokom pri riešení tohto problému, po odbornom výbere súboru spevov na porovnanie. Pri tomto kroku môžu pomôcť výpočetné metódy, keďže si vyžaduje zarovnanie veľkého množstva spevov. Hoci existujú rozsiahle databázy digitalizovaných spevov, v digitálnej muzikológii chýba softvér potrebný na vykonanie tohto kroku. Výsledkom tejto práce je softvérový nástroj, ktorý môže pomôcť pri objavovaní príbuzných spevov pomocou algoritmov pre viacnásobné zarovnanie sekvencií (MSA), čo sú metódy prevzaté z bioinformatiky. Umožňuje výskumníkom zarovnať ľubovoľné súbory príbuzných (a nepríbuzných) spevov, a tak odhaliť zhluky príbuzných melódií. Okrem toho uľahčuje objavovanie kontrafaktov a transpozícií. Napriek tomu má nástroj určité obmedzenia: spúšťa sa lokálne a niektoré jeho interaktívne funkcie sa pri spracovaní stoviek údajov stávajú pomalými. Ďalší vývoj je plánovaný v rámci prebiehajúcej spolupráce s výskumníkmi v oblasti digitálnej muzikológie z Akadémie vied Českej republiky a Filozofickej fakulty Univerzity Karlovej.