

Comparación mediante LCS

1. Matriz LCS

Construir matriz de Longest Common Subsequence

2. Backtracking

Reconstruir todas las subsecuencias comunes más largas

3. Calcular gaps

Distancia entre aminoácidos conservados en cada secuencia

Ejemplo: Seq1 = CxxH y Seq2 = CxxxH

LCS = CH \rightarrow gaps = {2,3} \rightarrow genera C-x(2,3)-H