

## 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