

# Relatório do Projeto

## Longest Common Subsequence

Pedro Cunial

May 9, 2017

## Contents

### Abstract

Um problema muito comum na biotecnologia é definir a semelhança entre dois genomas, ou seja, o quão parecidos são os DNAs de dois seres vivos, seja para um teste de paternidade, ou até mesmo para definir o quão distante geneticamente o homem está do macaco. Computacionalmente este cálculo é muito extenso e repleto de redundâncias, neste artigo, pretendo discutir a solução deste problema utilizando programação dinâmica