***Programmazione Dichiarativa (Linguaggio esemplificativo Prolog)***

Si vuole studiare la vicinanza tra specie e quindi si vuole stabilire la vicinanza tra due patrimoni genetici. In questo esercizio, il patrimonio genetico è definito come porzioni di DNA molto piccole (ovvero sequenze di nucleotidi G,A,C,T):

CGGCGGGGCCATGTACTGA (1)

La vicinanza invece è definita come il numero di trasformazioni base per passare da un patrimonio genetico all’altro. Le trasformazioni base sono:

1. Swapping di due blocco 3 tre nucleotidi contigui, ad esempio, partendo da (1), si può ottenere CGG**CAT**GGC**CGG**GTACTGA
2. Sostituzione di due nucleotidi uguali e contigui con altri due nucleotidi uguali, ad esempio, partendo da (1), si può ottenere CGGCG**TT**GCCATGTACTGA

a) Scrivere dunque il predicato:

vicinanza(DNA\_A, DNA\_B,V)

vero se DNA\_A e DNA\_B sono due porzioni di DNA e V è il numero di trasformazioni necessarie per passare da DNA\_A e DNA\_B.

b) Si stimi la minore distanza tra:

CGGCGGGGCCATGTACTGA e TTGGTTGACAGAGTAGGGG

***Programmazione Funzionale (Linguaggio esemplificativo Python)***

Usando le tecniche di programmazione funzionale in Python, implementare le funzioni max e min, che ritornano rispettivamente il massimo e il minimo di una lista di numeri.