

Fonctions sur les listes et les chaînes de caractères

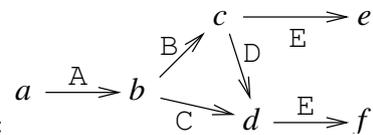
Exercice 1 : Écrivez une fonction `coupe` qui prend en entrées un nombre strictement positif `n` et une chaîne de caractères `s` représentant un chromosome, et qui retourne la liste de brins d'ADN obtenue en coupant le chromosome par morceaux de `n` nucléotides de long (le dernier morceau peut être plus court).

Exercice 2 : Écrivez une fonction `stopPhases` qui prend en entrée une chaîne de caractères `b` représentant un brin d'ARN et qui fournit en sortie une liste contenant trois entiers : le nombre de condons stop (UAA, UAG ou UGA) contenus dans chacune des trois phases de lecture.

Exercice 3 : On veut représenter les réseaux métaboliques par des listes de la forme :

$$[E_0, a_0, b_0, E_1, a_1, b_1, E_2, a_2, b_2, \dots]$$

où les E_i sont des chaînes de caractères qui représentent des noms d'enzymes, les a_i et b_i sont chaînes de caractères qui représentent des noms de substrats, et « E_i, a_i, b_i » indique que l'enzyme E_i transforme a_i en b_i . On suppose qu'il n'y a pas d'enzyme qui porte le même nom qu'un substrat.



- Définissez une liste `M` qui représente le réseau métabolique suivant :
- Écrivez une fonction `produit` qui prend en entrées deux métabolites, `s` et `p`, et une liste `m` représentant un réseau métabolique, et qui dit s'il existe un enzyme ayant `s` comme substrat et `p` comme produit. Testez-la avec quelques exemples.
- Écrivez une fonction `existe` qui prend en entrées une liste de métabolites successifs `c` (`c` comme « chemin ») et une liste `m` représentant un réseau métabolique, et qui dit si le chemin `c` existe dans le réseau métabolique `m`. Testez-la avec quelques exemples.

Exercice 4 : (DIFFICILE) Écrivez une fonction `consecutifs` qui prend en entrée une liste d'enzymes successifs `c` (`c` comme « chemin ») et une liste `m` représentant un réseau métabolique, et qui dit si le chemin `c` existe dans le réseau métabolique `m`. Testez-la avec quelques exemples.