

## Dictionnaires

**Exercice 1 :** Maintenant que nous disposons de la structure de données des dictionnaires, donnez une version plus élégante de la fonction `brinComp1` qui calcule le brin complémentaire d'un brin d'ADN.

## Fichiers, dictionnaires et listes

On suppose que l'on mène une expérience (d'une durée inférieure à une journée) au cours de laquelle on mesure de temps en temps le niveau d'expression d'un certain nombre de gènes. Chaque gène porte un nom (par exemple `Yea302` ou `TEL1` ou toute autre chaîne de caractères) et son niveau d'expression a été mesuré en divers instants, partant du début de l'expérience en `00h00` et ensuite à des temps pas nécessairement régulièrement espacés (par exemple `00h37` puis `01h53` puis `05h00` puis `13h21`, *etc*).

Les temps exacts de mesure ne sont pas obligatoirement les mêmes d'un gène à un autre (sauf si les résultats sont issus d'une unique plaque de puce à ADN mais ce n'est pas toujours le cas). En revanche, les mesures sont supposées toutes de type `float`, disons comprises entre 0 et 100, et « normalisées » de sorte qu'elles peuvent être directement comparées entre elles.

L'ensemble des mesures est géré par un système automatisé et ce système produit un fichier classé par gène. Pour chaque gène, une première ligne donne son nom puis les divers temps où ce gène a été mesuré avec succès sont fournis avec la valeur de la mesure effectuée, à raison de une mesure par ligne. À la fin d'un gène, le gène suivant commence sans laisser de ligne vide entre les deux. Le fichier global à l'issue de l'expérience est alors d'une forme comme l'exemple suivant :

```
nom = Yea302
00h00 : 6.3
01h21 : 1.4
02h32 : 3.0
02h40 : 1.4
03h35 : 0.7
06h45 : 5.6
07h50 : 0.7
09h12 : 9
nom = TEL1
00h00 : 2.4
05h28 : 0.6
12h02 : 3.9
12h48 : 5.5
20h51 : 10.2
nom = SR077
00h00 : 36
03h08 : 55.2
10h00 : 59.8
15h33 : 100
18h25 : 100
```

**Exercice 2 :** Écrivez une fonction `lireProfils` qui prend en entrée l'adresse d'un fichier produit par une expérience comme décrite au-dessus, et retourne en sortie une liste de dictionnaires construite de telle sorte que : (1) la liste contient un dictionnaire par gène mesuré durant l'expérience, et (2) chaque dictionnaire contient un élément "nom" dont la donnée associée est le nom du gène ainsi qu'autant d'autres éléments que de temps de mesure : "00h00", "01h21", "02h32", *etc*. dont la donnée associée est la mesure de type `float` correspondante. Par exemple, si le fichier précédent porte le nom `mesures.txt` alors la commande `lireProfils("mesures.txt")` fournit la liste de dictionnaires suivante :

```
[ { "nom": "Yea302", "00h00": 6.3, "01h21": 1.4, "02h32": 3.0, "02h40": 1.4, "03h35": 0.7,
  "06h45": 5.6, "07h50": 0.7, "09h12": 9.0 } , { "nom": "TEL1", "00h00": 2.4, "05h28": 0.6,
  "12h02": 3.9, "12h48": 5.5, "20h51": 10.2 } , { "nom": "SR077", "00h00": 36.0, "03h08": 55.2,
  "10h00": 59.8, "15h33": 100.0, "18h25": 100.0 } ]
```

**Nota :** sauvegardez cette fonction pour pouvoir la réutiliser lors des prochains TD.