

Représentation des caractères - Exercices

Distance entre deux mots

? EXERCICE 1 :

La distance de Hamming entre deux mots de même longueur est le nombre d'endroits où les lettres sont différentes.

Par exemple :

JAPON - SAVON

La première lettre de JAPON est différente de la première lettre de SAVON, les troisièmes aussi sont différentes.

La distance de Hamming entre JAPON et SAVON vaut donc 2.

Écrire une fonction qui calcule la distance de Hamming entre deux mots entrés par l'utilisateur

Exemple d'exécution :

```
result=distanceHamming('lapin','satin')
```

```
print(result)
```

affichage : 2

Aide

- Pour connaître la longueur d'une chaîne de caractère : `len(machaine)`
- Pour boucler sur les lettres d'un mot : par exemple pour les afficher

```
for i in range(len(mot)):  
    print(mot[i])
```

- Pour tester la non égalité de deux éléments : `if e1!=e2`
- On utilisera un compteur
- On testera l'égalité des longueurs des mots
- On mettra les mots en majuscule dans une autre variable : `m = mot.upper()`

Le latin cochon

? EXERCICE 2 :

On transforme un mot commençant par une consonne selon la recette suivante :

- On déplace la première lettre à la fin du mot

- On rajoute le suffixe UM

Par exemple : VITRE devient ITREVUM

Écrire une fonction qui transforme un mot en latin-cochon

Aide

- Une chaîne de caractère est non modifiable, il faut donc en créer une autre
- On mettra le mot en majuscule : `m=mot.upper()`
- L'addition de caractères se nomme concaténation '`A'+B'`'=`'AB'`
- On définit une chaîne de caractère vide avec : `chaine=""`

ADN

Une molécule d'ADN est formée d'environ six milliards de nucléotides. L'ordinateur est donc un outil indispensable pour l'analyse de l'ADN. Dans un brin d'ADN il y a seulement quatre types de nucléotides qui sont notés A,C,T ou G. Une séquence d'ADN est donc un long mot de la forme :TAATTACAGACCTGAA...

? EXERCICE 3 :

- Écrire une fonction `presenceDeA(sequence)` qui teste la présence du nucléotide A dans une séquence d'ADN
- Exemple : `presenceDeA("CTTGCT")` renvoie `False`

Aide

- On teste la présence d'un caractère avec : `if car in sequence` :

? EXERCICE 4 :

- Écrire une fonction `positionDeAT(sequence)` qui teste si une séquence contient le nucléotide A suivi du nucléotide T et renvoie la position de la première occurrence trouvée.

Aide

- l'instruction : `sequence.count('AT')` renvoie le nombre d'occurrence 'AT' dans `sequence`
- l'instruction : `sequence.find('AT')` renvoie le premier indice de l'occurrence 'AT'

? EXERCICE 5 :

- Écrire une fonction `position(code,sequence)` qui teste si une séquence contient un code donné et renvoie la position de la première occurrence.
- Exemple : `position("CCG","CTCCGTT")` renvoie `2`

? EXERCICE 6 :

- Un crime a été commis dans le château d'Adéno. Tu as récupéré deux brins d'ADN, provenant de deux positions éloignées de l'ADN du coupable. Il y a quatre suspects, dont tu as séquencé l'ADN. Sauras-tu trouver qui est le coupable?
 - Premier code du coupable : CATA
 - Second code du coupable : ATGC
- ADN du colonel Moutarde :
CCTGGAGGGTGGCCCCACCGGCCGAGACAGCGAGCA-
-TATGAAGGAAGCGGCAGGAATAAGGAAAAGCAGC
- ADN de Mlle Rose :
CTCCTGATGCTCCTCGCTTGGTGGTTTGAGTGGACC-
-TCCCAGGCCAGTGCCGGGCCCTCATAGGAGAGG
- ADN de Mme Pervenche :
AAGCTCGGGAGGTGGCCAGGCGGCAGGAAGGCGC-
-ACCCCCCAGTACTCCGCGCGCCGGGACAGAATGCC
- ADN de M. Leblanc :
CTGCAGGAACTTCTTCTGGAAGTACTTCTCCTCCTGCAAA-
-TAAAACCTCACCCATGAATGCTCACGCAAG