

**CONCOURS D'ACCES EN 2ème ANNEE DU
CYCLE D'INGENIEURS D'ETAT
13 JUILLET 2010**

**EPREUVE INFORMATIQUE
(DUREE 1H30)**

Avertissement :

L'appréciation des copies tient compte de la rigueur, de la clarté des raisonnements et de la présentation.

Partie Informatique

Durée : 1H30

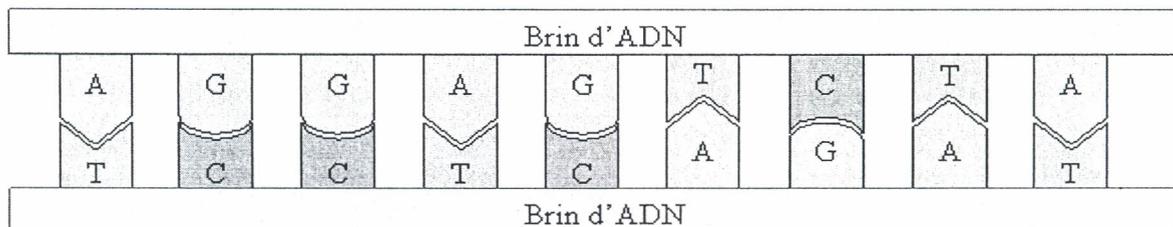
Préliminaires.

- Les programmes demandés doivent être exprimés dans les langages C ou Pascal.
- Les seules fonctions prédéfinies de C/Pascal autorisées sont les fonctions de lecture/écriture.

Enoncé du problème.

On souhaite effectuer un ensemble de traitements sur les fragments d'ADN. Un fragment d'ADN est constitué de 2 brins complémentaires. Chaque brin comporte 4 catégories de bases azotées : l'Adénine (A), la Cytosine (C), la Guanine (G) et la Thymine (T). Chacune des 4 bases apparaît une ou plusieurs fois dans un brin. L'association des bases azotées entre les deux brins ne se fait pas au hasard : l'adénine A s'associe toujours avec la thymine T, la cytosine C avec la guanine G.

La figure ci-dessous montre un schéma simplifié d'un fragment d'ADN composé de deux brins : le premier contient les bases A G G A G T C T A et le deuxième contient les bases T C C T C A G A T. Notez les associations A-T et C-G entre les bases des deux brins.



Pour manipuler les informations contenues dans un fragment d'ADN, on propose de représenter celui-ci par une chaîne de caractères (de taille arbitraire) composée de trois parties : une sous-chaîne représentant le premier brin, le caractère # et une sous-chaîne représentant le deuxième brin complémentaire. Ainsi, le fragment d'ADN ci-dessus sera représenté par la chaîne de caractères : **AGGAGTCTA#TCCTCAGAT**. Le caractère # sert uniquement de séparateur entre les deux brins du fragment. Un fragment d'ADN **valide** est une chaîne de caractères respectant la structure ci-dessus.

Questions.

Question 1 (2 points).

Ecrire une fonction **valide(chaine)** qui retourne 1 si la chaîne de caractères passée en paramètre est un fragment d'ADN valide et retourne 0 sinon.

N.B. Les fragments d'ADN passés en paramètre des fonctions qui suivent sont supposés valides.

Question 2 (1 point).

Ecrire une fonction **nombreBases(fragment)** qui retourne le nombre de bases azotées contenues dans le fragment d'ADN passé en paramètre.

Question 3 (3 points).

Ecrire une fonction **pourcentageMaxBases(fragment)** qui affiche les bases azotées qui occupent le pourcentage maximum dans le fragment d'ADN passé en paramètre. Pour le fragment d'ADN **AGGAGTCTA#TCCTCAGAT**, la fonction devrait afficher : **A : 28 %; T : 28 %**.

Question 4 (4 points).

Ecrire une fonction **contientSousSequence(fragment, sousseq)** qui retourne 1 si un brin du fragment d'ADN passé en premier paramètre contient la sous-séquence (de type chaîne de caractères) passée en deuxième paramètre et retourne 0 sinon.

Question 5 (5 points).

Ecrire une fonction **insérerBase(base,fragment,n)** qui permet d'insérer une base azotée (premier paramètre) dans un fragment d'ADN (deuxième paramètre) à la position **n** (troisième paramètre). Le fragment d'ADN résultant doit être **valide**. La fonction retourne 1 au cas de succès et 0 sinon.

Question 6 (5 points).

Ecrire une fonction **supprimerBase(n,fragment)** qui permet de supprimer la base azotée se trouvant à la position **n** (premier paramètre) d'un fragment d'ADN (deuxième paramètre). Le fragment d'ADN résultant doit être **valide**. La fonction retourne 1 au cas de succès et 0 sinon.