

TP Langage C IENAC18

Modalités de passage du TP noté :

L'énoncé du tp se trouve sur ce document. **Suivez bien les instructions suivantes :**

- Vous allez vous connecter sous Ubuntu en utilisant le login « enacaudio », mot de passe « enacaudio » (et **non pas votre login élève !**).
- Créez sur le bureau un répertoire dont le nom sera composé de votre nom, votre prénom ainsi que la promo (exemple « DUPONT_Alain_IENAC18_AVI »).
- Vous travaillerez dans ce répertoire et laisserez tous vos fichiers créés durant le TP noté.
- Vous allez trouver sur le Bureau un fichier zip contenant les fichiers et le sujet du tp noté.
- **Supprimez tous les autres répertoires et documents qui se trouvent sur le bureau.**
- A la fin de l'épreuve, vous ne laisserez sur le bureau que votre répertoire de travail, vous supprimerez les autres documents.
- N'oubliez pas de laisser uniquement votre répertoire de travail sur le bureau. **Vous laisserez ensuite la session ouverte sans éteindre le PC et quitterez la salle.**

Sujet :

Nous allons travailler avec des données récupérées dans un fichier texte qui décrivent un génome, c'est-à-dire ici une séquence d'ADN. Ce dernier est constitué d'un ensemble de lettres (les nucléotides : A, C, G, T). Un génome possède les caractéristiques suivantes :

-l'ensemble de ses nucléotides (représenté par une séquence des lettres A, C, G ou T).

-le nombre de nucléotides de type A, le nombre de nucléotides de type C, le nombre de nucléotides de type G, le nombre de nucléotides de type T.

Vous créerez pour cela un projet avec les fichiers d'en-tête et les fichiers source C correspondant. Un main vous est donné.

*

Questions

Vous testerez les fonctions suivantes avec le main fourni (et le fichier texte « variole.txt »).

Question 1 (1 pt):

Définissez en Langage C un nouveau type utilisateur Genome. Ce type sera une structure qui possédera 5 champs : data (pour l'ensemble des lettres des nucléotides, de type chaîne de caractères de longueur NBMAX de valeur 200000), nbA pour le nombre de nucléotides A de type int, nbC pour le nombre de nucléotides C de type int, nbG pour le nombre de nucléotides G de type int, nbT pour le nombre de nucléotides T de type int.

Question 2 (2 pts):

Définissez la fonction « int calculNbNucleotide(Genome g, char n) » qui calcule et retourne le nombre total d'occurrence du nucléotide n dans le champ data du génome g.

Question 3 (6 pts):

Définissez la fonction « void chargerGenome(Genome** g, char* nomfichier) » qui permet de récupérer dans le fichier texte dont le nom est passé en paramètre, les caractéristiques du génome pour remplir les champs d'une structure dynamique. La structure de type Genome sera réservée en mémoire dynamique. Son champ data sera rempli par l'ensemble des caractères récupérés dans le fichier. On mettra à jour les autres champs de la structure (champ nbA, nbC, nbG, nbT) en utilisant la fonction de la question 2.

Vous utiliserez le fichier « variole.txt » pour tester votre fonction.

Question 4 (2 pts):

Définissez la fonction « void afficherGenome(Genome g) » qui permet d'afficher à l'écran les caractéristiques du génome. On affichera les nucléotides par ligne de 60 caractères à l'écran.

Question 5 (2 pts):

Définissez la fonction « double calculMasseAtomiqueTotale(Genome g) » qui retourne le calcul de la masse atomique totale des nucléotides. Pour cela, on utilisera les **constantes suivantes** :

Masse atomique du nucléotide A : 135.1267 (unité : dalton, un dalton est égal à 1/12 de la masse d'un atome carbone 12)

Masse atomique du nucléotide C : 111.102

Masse atomique du nucléotide G : 151.1261

Masse atomique du nucléotide T : 126.1133

Pour calculer la masse atomique totale, on additionne le produit du nombre de chaque nucléotide par leur masse atomique.

Question 6 (3 pts):

Définissez la fonction « void ajouterGene(Genome **g, char* gene, int p) » qui permet d'insérer à la position « p » du champ data du génome le nouveau gène (second paramètre de la fonction).

Question 7 (3 pts):

Définissez la fonction « void sauverGenome(char * nomfichier, Genome g) » qui permet de sauvegarder dans le fichier texte dont le nom est passé en paramètre, les nucléotides du génome.

Question 8 (1 pt):

Définissez la fonction « void libererGenome(Genome **g) » qui permet de libérer en mémoire la structure précédemment allouée et mettre à jour le paramètre.

Les valeurs à trouver sont pour le fichier « variole.txt » :

Nucléotide A : 62782

Nucléotide C : 30524

Nucléotide G : 30223

Nucléotide T : 62049

Masse atomique totale : 24267490.1994