

Série 7

- 1) Programmez une fonction qui indique (oui / non) si tous les éléments d'un tableau d'entiers sont strictement positifs.
- 2) Programmez une fonction qui compte le nombre de lettres majuscules contenues dans une chaîne de caractères (String)
- 3) On dispose d'une structure de données qui permet de stocker des noms de villes:

```
static final int NB_VILLES = 10;  
String[] villes = new String[NB_VILLES];
```

Comme vous pouvez le voir, cette structure permet de stocker 10 noms de villes, mais ce nombre pourrait augmenter. Vous devez utiliser cette structure pour réaliser les fonctionnalités suivantes:

- Une fonction de saisie qui demande à l'utilisateur le nom des 10 villes et les sauve dans le tableau.
- Une fonction qui retourne le nombre de villes dont le nom contient moins de 6 lettres.
- Une fonction qui affiche les noms de ville par ordre alphabétique (il faut donc les trier). Remarque : ne pas prendre en compte les diacritiques (lettres accentuées, cédilles, ...)

4) On désire faire quelques traitements avec des brins ADN. Il vous faut générer un brin ADN de manière aléatoire. Un brin ADN est composée des quatre nucléotides de base: A, T, G et C. Votre premier travail consiste donc à créer une fonction qui initialisera un tel brin. La taille du brin sera demandée à l'utilisateur avant sa génération aléatoire. Indication: utilisez un tableau de caractère pour représenter un brin ADN., puis générez un nombre aléatoire entre 1 et 4. Si vous obtenez 1, mettez un 'A' dans le tableau, si vous obtenez 2, mettez un 'B' dans le tableau, etc. Une fois le brin généré, programmez les fonctionnalités suivantes:

- Une fonction capable d'afficher la fréquence d'apparition des 4 nucléotides présent dans le brin ADN. La fréquence d'apparition d'un nucléotide se calcul en divisant le nombre d'occurrences de ce nucléotide avec le nombre total d'éléments.
- Une fonction de génération du complément du brin ADN. Il faut donc créer un nouveau brin ADN (un nouveau tableau de caractères) . On construit ce nouveau brin à partir du brin ADN de base en respectant les règles suivantes: les A deviennent des T, les T deviennent des A, les G deviennent des C et les C deviennent des G.
- Une fonction de recherche de segment ADN. Cette fonction prendra en paramètre deux brins ADN et indiquera si le 1^{er} est présent dans le 2^e . Indications: il faut commencer par rechercher la position du premier nucléotides du 1^{er} brin dans le 2^e brin (algorithme de recherche de la position). Puis à partir de cette position, vérifier que les autres nucléotides du 1^{er} brin sont identiques au nucléotides suivant du 2^e brin. Si ce n'est pas le cas, on recherche la position suivante du premier nucléotides du 1^{er} brin dans le 2^e brin et on recommence jusqu'à trouver le segment ADN recherché ou jusqu'à la fin du 2^e brin .