

Recherche dans une liste

Dans les deux premières questions, `L` désigne une liste d'entiers non vide ; les fonctions ne doivent pas modifier cette liste.

1. Écrire une fonction `MaxPair(L)` qui renvoie le plus grand entier pair de `L` s'il existe, `None` si aucun élément de `L` n'est pair.
2. Écrire une fonction `DeuxMax(L)` qui renvoie les deux plus grands éléments de `L` (éventuellement égaux), dans l'ordre décroissant ; `L` est supposée contenir au moins deux éléments. Par exemple `DeuxMax([1,2,3,4])` doit renvoyer `4,3`.

Date

1. Écrire une fonction `nb_jours(m)` qui retourne le nombre de jours d'un mois de l'année (non bissextile) en fonction de la position `m` du mois dans l'année.
2. Écrire une fonction `date(n)` qui affiche le numéro du mois et le numéro du jour du $n^{\text{ème}}$ jour de l'année ($1 \leq n \leq 365$).

Multiplication de deux entiers

Écrire une fonction `mult(a,b)` qui multiplie deux entiers `a` et `b` de la façon suivante : on divise `a` par 2 tant que c'est possible, en doublant `b` dans le même temps, $ab = \frac{a}{2} \times (2b)$. Sinon on décrémente `a` et on ajoute `b` au résultat, $ab = (a - 1)b + b$. On s'arrête lorsque `a` est nul.

ADN

L'acide désoxyribonucléique (ADN) est une molécule présente dans toutes les cellules vivantes, qui renferme l'en-

semble des informations nécessaires au développement et au fonctionnement d'un organisme. C'est aussi le support de l'hérédité car il est transmis lors de la reproduction, de manière intégrale ou non. Il porte donc l'information génétique (génotype) et constitue le génome des êtres vivants. La structure standard de l'ADN est une double hélice droite, composée de deux brins complémentaires. Chaque brin d'ADN est constitué d'un enchaînement de nucléotides, eux-mêmes composés de bases azotées, d'oses (désoxyribose) et de groupes phosphate. On trouve quatre nucléotides différents dans l'ADN, notés A, T, G et C, du nom des bases correspondantes. Le génotype est inscrit dans l'ordre dans lequel s'enchaînent les quatre nucléotides.

1. Écrire une fonction `valide` dont l'argument est une chaîne de caractères représentant la chaîne d'ADN. Cette chaîne a une longueur quelconque (ex : 'gtcatgctgabact'). La fonction `valide` renvoie le message 'chaîne valide' pour une chaîne de longueur non vide et composée exclusivement de 'a', 't', 'g' et 'c', et 'chaîne non valide' sinon. Cette fonction inspectera tous les éléments de la chaîne.
2. Variante : écrire une fonction `valide_1` qui s'arrête d'inspecter les éléments de la chaîne dès qu'elle en détecte un élément différent de 'a', 't', 'g' et 'c'.
3. Une séquence (ex : 'ata') peut intervenir plusieurs fois dans une chaîne ADN. Écrire une fonction permettant de retourner la proportion (en longueur) d'une séquence donnée dans une chaîne (ex : 'ata' représente 50% de 'ataattatagac' : $2 \times 3 = 6$ des 12 lettres). On pourra utiliser `chaîne.count(sequence)` qui donne le nombre d'occurrences d'une séquence dans une chaîne.