

Durée = 2h30. Inscrivez **lisiblement** vos NOM et Prénom en tête de la copie double qui vous a été distribuée ; ensuite cachez le coin de la copie double ;

enfin inscrivez EN GROS CHIFFRES sur la copie double le numéro suivant :

nUmErO

VOUS DEVEZ INSCRIRE VOS RÉPONSES DIRECTEMENT SUR CETTE FEUILLE D'ÉNONCÉ, QUE VOUS PLACEREZ À L'INTÉRIEUR DE LA COPIE DOUBLE AVANT DE LA RENDRE.

Ordinateurs, téléphones et autres moyens de communication sont interdits.

Exercice 1 : En considérant la fonction ci-dessous : (1) quel doit être le type des variables d'entrée ? (2) quel est le type du résultat ? (3) quelle est la propriété remarquable de cette fonction ?

```
def glop (a,b) :
    c = a or b
    d = (not a) and (not b)
    return (c or d)
```

Exercice 2 : Quel est le résultat de l'expression « (5.0 / 2.0) - (5 // 2) » en Python, et quel est son type ?

Exercice 3 : Écrivez une procédure `salutation` qui demande son prénom à l'utilisateur et écrit à l'écran « Bonjour Gaston ! » si l'utilisateur a entré « Gaston », ou bien « Bonjour Eric ! » si l'utilisateur a entré « Eric », etc.

Exercice 4 : Écrivez une fonction `extraitGC` qui prend en argument une chaîne de caractères `b` supposée représenter un brin d'ADN et retourne la liste des morceaux de `b` qui ne contiennent que des G ou C.

Par exemple `extraitGC("ATGGCGTCGAAGTCCGA")` retourne `['GGCG', 'CG', 'G', 'CCG']`.

INDICATION : on teste chaque nucléotide du brin l'un après l'autre ; on pourra gérer de manière intermédiaire une variable de type chaîne de caractères qui accumule les G ou C successifs rencontrés, et l'ajouter à la liste quand on rencontre un autre nucléotide (A ou T). Indication complémentaire : évitez d'ajouter des chaînes vides dans la liste !

