

Soutien informatique 3A: UNIX et C. Contrôle.

Sergey Kirgizov

ESIREM, vendredi 5 mars 2021

Durée 2h, tous documents non électroniques autorisés.

Le barème est donné à titre indicatif.

- (2 points) Citez au moins quatre systèmes d'exploitation de la famille UNIX.
- (2 points) Comment peut-on compter le nombre de lignes d'un fichier `texte.txt`?
 - `wc -l texte.txt`
 - `wc -m texte.txt`
 - `cat texte.txt | wc --lines`
 - `count --lines texte.txt`
 - `cat texte.txt | grep chat`
- (2 points) Avec quelle commande nous pouvons modifier les permissions des fichiers?
 - `chmod`
 - `chown`
 - `ps`
 - `rm`
- (2 points) Quel est le nom de la commande UNIX permettant d'afficher la documentation UNIX?
- (2 points) L'avenir proche. M. Eneko Lovecraft vient d'être nommé assistant de recherche "junior" dans un laboratoire biomathématique. Aujourd'hui c'est son premier jour. Sa première tâche est de cloner 10 tyrannosaures. Le clonage de dinosaures est une routine courante, mais plutôt ennuyeuse. C'est pourquoi les ingénieurs du futur ont écrit une commande UNIX afin d'automatiser le processus. La commande s'appelle `clone`. Voici la page du **manuel** de cette commande :

```
CLONE(1)                                User Commands                                CLONE(1)
```

NAME

```
clone - prepare and run automated biomathematical cloning process.
```

SYNOPSIS

```
clone -d FILE
clone -r FILE
```

DESCRIPTION

```
The command allows user to painlessly run a complex system of biomathematical operations resulting in a living organism constructed from a given DNA or RNA.
```

OPTIONS

```
-d    clone an organism using a DNA file
```

-r clone an organism using a RNA file

EXAMPLES

clone -d rex.adn

REPORTING BUGS

Please notify us if you think that you found something strange in the behavior of this programm. Our t-mail adress is Biomath-lab@Neo-Paris@europa.

COPYRIGHT

clone is in the public domain. No exclusive intellectual property rights apply.

AUTHOR

The original programm was written by a person we know as The Felizzio during the Second Bio War. This manual page was written by Samuel Frrroozd and Henry Lambada from Biomath-lab at Neo-Paris. We, a group of people from biomath-lab, maintain the code source.

BM bioutils 8.23

February 2217

CLONE(1)

Voici l'arborescence du répertoire code-genetique sur un ordinateur du laboratoire :

```
code-genetique
├── Dinsaures
│   ├── Ornithischia
│   │   ├── Thyreophora
│   │   │   ├── Stegosauria
│   │   │   │   ├── Stegosaurus
│   │   │   │   │   ├── ADN
│   │   │   │   │   │   ├── steg1.adn
│   │   │   │   │   │   └── ARNm
│   │   │   │   │   │       └── steg1.arn
│   │   └── Saurischia
│   │       ├── Theropoda
│   │       │   ├── Tetanurae
│   │       │   │   ├── Coelurosauria
│   │       │   │   │   ├── Tyrannoraptora
│   │       │   │   │   │   ├── Rex
│   │       │   │   │   │   │   ├── ADN
│   │       │   │   │   │   │   │   ├── rex.adn
│   │       │   │   │   │   │   │   └── ARNm
│   │       │   │   │   │   │   │       └── rex.arnm
```

Eneko exécute la commande `clone -d code-genetique/Dinsaures/Saurischia/.../ADN/rex.adn` une première fois, deuxième fois, troisième fois... Après la troisième fois, ses doigts, ses yeux et son cerveau se fatiguent tellement qu'il ne peut plus taper des chemins aussi longs à chaque fois. Il essaie d'écrire tout simplement `clone -d rex.adn` mais le système lui répond :

clone: cannot access 'rex.adn': No such file or directory

Comment pourriez-vous l'aider ? Que conseillez-vous de faire dans cette situation ?

6. (3 points) Code génétique est l'un des éléments principaux de la vie. Voici un extrait du Wikipédia :

L'acide ribonucléique messenger (ARNm) est composé de l'enchaînement de quatre types de bases nucléiques, A, C, G et U, qui constituent les "lettres" avec lesquelles est écrit le code génétique. Ce dernier est constitué de "mots" de trois lettres appelés codons. Dans les régions codantes de l'ARNm, chaque codon est traduit en l'un des 22 acides aminés protéinogènes dans la protéine à synthétiser.

La lysine est un acide aminé. Elle est codée sur les ARNm soit par le codon AAA, soit par AAG. Le fichier `rex.arnm` contient les codons de une acide ribonucléique d'un tyrannosaure (un codon par ligne). Un exemple de fichier du même format :

```
AAA
ACG
CAA
AAC
GCC
...
```

Comment peut-on compter le nombre d'occurrences des codons correspondants à la lysine ?

7. (4 points) Voici le programme "seq.c".

```
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>

int main (int argc, char** argv) {
    int n = atoi(argv[1]);
    int i = 0;
    int a = 0;
    int b = 0;
    int c = 1;
    int new;
    printf ("%d \n%d \n%d \n", a, b, c);
    for (i = 0; i < n; i++) {
        new = a + b + c;
        a = b;
        b = c;
        c = new;
        printf ("%d \n", new);
    }
}
```

Quel résultat sera affiché à l'écran après l'exécution des deux commandes suivantes ?

```
gcc seq.c -o seq
./seq 8
```

8. (4 points) La suite de Fibonacci, notée par $\{f_n\}$, est définie par $f_0 = 0$, $f_1 = 1$, $f_n = f_{n-1} + f_{n-2}$ pour $n \geq 2$. Voici les huit premiers termes de cette séquence : 0, 1, 1, 2, 3, 5, 8. Écrire un programme en C qui affiche les n premiers termes de la suite de Fibonacci à l'écran, où n est un paramètre.