

Techniques de Programmation

TP3 : Compilation séparée

Olivier Hoenen – `hoenen@icps.u-strasbg.fr`

4 avril 2007

Compilation séparée

1. Reprendre les fonctions codées dans les TP 1 et 2. Ranger ces fonctions dans deux fichiers séparés :
 - un contenant les fonctions traitant les chaînes de caractère en général
 - l'autre contenant les fonctions traitant uniquement les séquences ADNNe pas oublier de fournir un fichier d'en-tête à chaque fois.
2. Dans un autre fichier, écrire le `main` d'un programme qui prend n'importe quelle chaîne de caractère, la met en majuscules, et si la cette chaîne est une séquence ADN, affiche à l'écran son histogramme.
3. Compiler ces fichier *à la main*, et tester l'exécutable.

Makefile

1. Écrire un fichier Makefile capable de compiler le code et de nettoyer le répertoire de travail (suppression des fichiers objet et de l'exécutable).
2. Modifier le Makefile pour créer une librairie à partir du fichier contenant les fonctions générales sur les chaînes de caractère, librairie qui sera utilisée pour la compilation de l'exécutable final.

Similarité

Écrire une fonction qui renvoie le pourcentage de similarité (en comptant les bases placées identiquement) de séquences ADN de même taille. Modifier le `main` du programme pour générer aléatoirement n séquences de même taille par rapport à la séquence de travail. Afficher le pourcentage de similarité de chaque séquence aléatoire par rapport à la séquence de travail, puis afficher la séquence aléatoire la plus similaire.

Introduction à la compression

Écrire une fonction qui remplace dans une séquence de travail (ou plus généralement dans une chaîne de caractères quelconques) toutes les répétitions par un couple entier-caractère donnant la taille de la répétition et le caractère considéré. Construire une nouvelle chaîne contenant cette *compression*. Modifier le `main` du programme pour générer une copie compressée de la séquence de travail. Afficher le gain de cette compression.