Datenmodell für die interne Darstellung von Daten aus FASTA Dateien

Std::vector<NucleicAcid \*> g\_nucleicAcids

Std::vector<AminoAcid \*> g\_aminoAcids

NucleicAcid

Std:string Mnemonic

SequenceElement

Char code  
std::string meaning

Sequence

Comments – 0..n  
kind

NucleicAcidSequence

AminoAcidSequence

Sequences

sequences 0..n

elements 0..n

ncbiidentifier 0..n

NCBIIdentifier

Std::string Typ  
Attribute – 0..n

AminoAcid