## **Les Fichiers**

1. Ecrire un script **fichie\_ADN.py**, qui ouvre et lit le contenu du fichier **ADN.txt.** 

```
Le fichier ADN.txt contient la chaine ci-dessous :
A T C G G C T T A G A C G A T G A A G C C G T C C C G A A A
```

- 2. Ajouter la fonction **calcule\_taille\_ADN** qui calcule la longueur de la chaine ADN.
- 3. Ajouter la fonction **nbr\_A** qui calcule le nombre des « **A** » dans le fichier **ADN.txt.**
- 4. Ajouter la fonction **nbr\_C** qui calcule le nombre des « **C** » dans le fichier **ADN.txt.**
- 5. Ré-ouvrir le fichier **ADN.txt** en mode écriture et ajouter la fonction **ADN\_2\_ARN** qui génère l'**ARN** depuis l'**ADN** (en changeant le **T** par le **U**).
  - La nouvelle chaine ARN devra être en dessous de la chaine ADN.