## **DNA-Translation**

- a) Eingabe: Eine Datei mit einer DNA-Sequenz (gegeben als die Nukleobasen 'A', 'C', 'G', 'T'). Lies die Datei ein, zähle, wie oft jede Nukleobase vorkommt, und stelle das Resultat graphisch dar.
- b) Übersetze die Sequenz in die dazugehörige Proteinsequenz.
- c) Stelle graphisch dar, welches Protein wie oft in der Sequenz vorkommt.