1) Посчитать GC-состав строки ДНК

2) Вывести Reverse Complement строки ДНК

3) Посчитать динуклеотидный состав строки

4) Найти вхождение мотива в строке ДНК

(\*а) с ≤ 1 заменой (\*\*б) с ≤ N заменами

5) Посчитать расстояние Хэмминга двух строк (а) одинаковой (б) разной длины

6) Консенсус трех строк днк

7) Общий мотив двух строк днк