В вайле Gene1.fasta содержится информация о гене. Файл в формате FASTA. Первая строка – комментарий с текстовой информацией о гене, вторая строка – последовательность нуклеотидов в гене.

В файле Repeats.fasta содержится список фрагментов ДНК. Файл в формате FASTA. Для каждого элемента списка: Первая строка – комментарий с именем фрагмента, вторая строка – последовательность нуклеотидов в фрагменте.

Создай программу на python, которая для каждого фрагмента создает файл, названный по имени фрагмента в формате FASTA. Читает последовательность нуклеотидов каждого фрагмента. Ищет эту последовательность в файле Gene1.fasta. Если находит, записывает в файл с именем фрагмента:

1. строку комментария, где указывает имя гена, где найден фрагмент, через табуляцию позицию в гене, где найден фрагмент

2. 30 нуклеотидов из гена до найденного фрагмента, в этой же строке без разделения последовательность нуклеотидов в фрагменте, в этой же строке без разделения 30 нуклеотидов из гена после найденного фрагмента.