Загрузите в директорию data и разархивирует аннотацию генома человека с сайта GENCODE:

<https://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/gencode/Gencode_human/release_41/gencode.v41.basic.annotation.gff3.gz>

Создать скрипт, который из файла геномной аннотации достаёт “левые” границы протеин кодирующих генов :

1. Создает директорию **terminal\_task/results**
2. Преобразует файл .gff в таблицу аннотации таким образом, что:

* остаются только строки со значением gene в 3 колонке
* Остаются только те строки, в 9 колонке которых содержится “gene\_type=unprocessed\_pseudogene”
* остаются только столбцы 1 (хромосома),4 (координата начала),5 (координата конца),7,9
* от столбца 9 остается только значение поля gene\_name=(название гена)

1. Модифицирует полученную таблицу так, что:

* Если ген располагается на “+” - цепи, то координата старта остаётся неизменной, а координата конца = координате старта + 1 (т. к. Правая граница не включается)
* Если ген располагается на “-” - цепи, то координата старта = координате конца, а к координате конца необходимо прибавить 1 (т. к. Правая граница не включается)

1. Записывает полученную таблицу в файл **result.tsv** в директории **results**