תיאור התוכנית:  
התוכנית מנתחת קובץ GenBank כדי להבין ולהציג מאפייני גנים שונים, אורגניזם ומאפייני הגנום שלו.

היגיון התוכנית:  
טעינת קובץ GenBank: התוכנית מתחילה על ידי טעינת קובץ GenBank מהנתיב שצוין. היא מוודאת שהקובץ הינו בפורמט GenBank.

ניתוח הקובץ והצגת מאפיינים:   
התוכנית משתמשת בספריית Biopython כדי לנתח את הקובץ GenBank ולהציג מאפיינים שונים כמו מספר המאפיינים ברשומה, סוגי המאפיינים, ושמות האורגניזמים.

ניתוח והצגת אורגניזם:   
התוכנית מציגה את שם האורגניזם מתוך הקובץ GenBank.

הצגת סטטיסטיקות של הגנים:   
התוכנית מחשבת סטטיסטיקות שונות עבור גנים שונים באורגניזם, כגון אורך ממוצע, סטיית תקן, ועוד.

הצגת היסטוגרמות:   
התוכנית מייצגת היסטוגרמות של אורך הגנים לפי שדות שונים, כמו חיוביות/שליליות של החרטה וסוגי גנים שונים.

חישוב יחסי נוקלאוטידים:   
התוכנית מחשבת יחסי הנוקלאוטידים כמו C ל-T בסידור ה- DNA של האורגניזם וכמו כן מחשבת סטטיסטיקות על מאפייני הגנים.

איתור ה-CDS העשירים והעניים ביותר בנוקלאוטידים מסוג C וT:   
התוכנית מוצאת את ה-CDS העשירים והעניים ביותר בנוקלאוטידים C ו-T ומציגה את מידע כמו שם הגן, האינדקסים שלו וכמות באחוזים מהגן עצמו.

הערות לגבי מבנה הקוד:

התוכנית מיועדת לניתוח קבצי GenBank ולהצגת מידע בהם.

היא משתמשת במודולים פופולריים כמו Biopython, NumPy ו- Matplotlib לניתוח והצגת המידע.

הקוד מודולרי וגנרי, עוקב אחרי עקרונות הנדסת התוכנה, הקוד פתוח להרחבות וסגור לשינויים.  
נעשה שימוש נרחב בהגדרה של פונקציות שבנויות ומותאמות לקבצי GenBank באופן גנרי וכמו כן מותאמות לניתוח שהוצא על ידי המרצה של גנום שלם שנמצא בקבצים בפורמט הנ"ל.