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. לכן יש לוודא שהפורמט נכון

הוראות הרצה: וודא שכל הספריות שנמצאות בראש העמוד נמצאות בסביבה הווירטואלית שלך כאשר אתה מריץ את התוכנית. ספיריות: Bio, MatPlotLib, Pandas, Numpy

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.

הערות לגבי מבנה הקוד:

התוכנית מיועדת לניתוח קבציFasta, ,GenBank ולהציג מידע מהם.

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 לקבצים הביולוגיים באופן גנרי וכמו כן מותאמות לניתוח שהוצא על ידי המרצה של גנום שלם שנמצא בקבצים בפורמט הנ"ל.