13.03.24

**Продолжение работы над скриптом для получения данных об астровирусах из GenBank и парсинга этих данных**

1) Добавлена функция *file\_writer()*, упрощающая визуальное восприятие части кода, ответственной за запись данных в *metadata.csv* *и main\_output.txt*.

2) Изменено название выходного файла с GenBank-записями: вместо *records.gb* он теперь называется *Mamastrovirus\_1\_complete\_genome\_records.gb* – так легче сразу понять, что файл содержит.

3) Выходные файлы добавлены в репозиторий на GitHub, чтобы избежать необходимости запускать скрипт лишний раз при просмотре данных с другого компьютера.

4) Выходная информация о частотах встречаемости значений квалификаторов теперь отсортирована от больших значений к меньшим (в функцию *count\_occurrences()* добавлен метод *most\_common()* для вывода ключей и значений словаря res)

5) Значение квалификатора теперь может быть равным *NaN*, если необходимые данные отсутствуют в GenBank (понадобится в дальнейшем). В связи с этим из вывода *main\_output.txt* убрано лишнее упоминание о том, у какого количества образцов известны даты выделения: это и так понятно по количеству значений *NaN*.

6) Согласно описанным изменениям исправлен документ с описанием работы программы.