755,533 pageviews

Fantasist

2019年4月 日 三四五六 31 2 3 4 5 1 7 8 9 10 11 12 13 15 16 17 18 19 20 14 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 1 2 3 4 7 8 9 10 11 6

搜索

找找看

谷歌搜索

我的标签

统计(52)

基本概念(36)

工具(31)

机器学习(29)

重要文献(26)

python(21)

单细胞(19)

思考(19)

基因组组装(16)

Linux(15)

更多

积分与排名

积分 - 345549

排名 - 670

阅读排行榜

- 1. Linux里设置环境变量的方法 (export PATH) (51423)
- 2. Octave入门(40793)
- 3. 可视化工具之 IGV 使用方法 (34668)
- 4. 敏感性、特异性、假阳性、假 阴性(sensitivity and specificit v) (33081)
- 5. 七大查找算法(附C语言代码 实现)(30337)
- 6. 免费下载知网文献的方法 | sci-hub免费下载SCI论文方法(266 67)
- 7. 差异基因分析: fold change (差异倍数), P-value(差异的显著性)(26183)
- 8. 主成分分析(PCA)原理及R 语言实现(25132)
- 9. GO 和 KEGG 的区别 | GO K EGG数据库用法 | 基因集功能注
- 释 | 代谢通路富集(23876) 10. 16S 基础知识、分析工具和 分析流程详解(22921)

首页 数据库 工具 友情链接 管理

随笔-428 文章-18 评论-0

读写生信流程必备的 Perl 语法

最早就是写Perl的,后来来到公司转Python,现在又要负责流程了,开始重拾Perl,当然是借鉴别人现有的语法,我再重新组合。

基本语法就不介绍了,参照我之前文章 Perl

模块

use strict;

use File::Path;

【Perl】Path::File 目录的创建和删除

内置模块,导入之后就可以随时创建和删除目录了,mkpath("LZX"); rmtree("LZX");

use Getopt::Long;

perl 中的有关控制参数的模块,参考:在Perl中使用Getopt::Long模块来接收用户命令行参数

my \$usage = <<USAGE;</pre>

Description: main pipeline for metagenomic analysis based on IGC, version 2016a

USAGE

USAGE 在这里通俗讲就是一个标记,它用来标记一段文字(一般都是多行的,省得编码麻烦,用"<<"加上一个标记就可以把一大段代码存入到一个变量中去了);\$usage = <<USAGE 的意思就是说:下一行开始,直到遇见"USAGE"为止,所有的字符都按照指定的格式存入变量usage中。你可以用EEE,MAMA等等其他的名字都可以,就是一个标记而已,它的作用就是简化输入。

一般都有后续,die usageif(!conf || !rawFqList|| help);

类似open(MYFILE, "myfile") || die "Cannot open myfile: !/n ";程序结束,打印usage 标量。

use File::Basename;

perl File::Basename 模块

File::Basename 模块 从文件名中抽取基名,取不包括路径的文件名。

use FindBin '\$Bin';

use Cwd qw(abs_path);

[Perl]如何取绝对路径:FindBin模块和Cwd模块用法和区别

通过FindBin qw(\$Bin)获取的是脚本所在目录的绝对路径

通过Cwd qw(abs_path getcwd)获取的是运行脚本时所在的目录的绝对路径

\$outdir = abs_path \$outdir;

use Config::General;

Config::General

语法

return \%hash

参考: Perl引用reference (\运算符)

TOP

```
my %config = %$config;
my @array2 = @{$array_r}; #拷贝了数组
对引用变量解引用通过{$var_r}实现;
```

\$outdir ||= "./";

=~是正则匹配运算符,||=是或等赋值运算符。表示如果outdir为非false,那么outdir还是outdir,否则,outdir被赋值为.l。

正则表达式

notepad++使用技巧

我喜欢用notepad++来写perl代码,默认绑定.pl后缀

注释

快捷键如下:

单行、多行注释 //方式 : ctrl+k

区块注释 / * * /方式: ctrl+q

取消单行、多行、区块注释 : ctrl+shift+k

如果感觉默认的快捷键不方便,可以修改成自己习惯的快捷键:设置-管理快捷键-Mainmenu选项卡下的第42-44项是上述快捷键选中某项,点击下面的modify就可以换成自己习惯的方式啦~

标签: Perl





Bioinformatics 关注 - 4

粉丝 - 162

‡

« 上一篇: Illumina Sequence Identifiers 序列标识符 index详解

» 下一篇: FASTQ 数据质量统计工具

posted @ 2017-02-17 14:39 Bioinformatics 阅读(1123) 评论(0) 编辑 收藏

刷新评论 刷新页面 返回顶部

0

0

(评论功能已被禁用)

【推荐】超50万C++/C#源码: 大型实时仿真组态图形源码

【推荐】百度智能云品牌升级,云服务器福利低至0.5折

【推荐】专业便捷的企业级代码托管服务 - Gitee 码云

【活动】2019第四届全球人工技术大会解码"智能+时代"

相关博文:

- · perl DBI 总结
- · perl基本语法
- \cdot The ABC of Perl : My First Perl Program

TOP

- · perl字习: perl调试命令
- · perl文件读写

最新新闻:

- ·沃尔玛将在美国门店部署数千机器人:可以扫地和拣货 ·京东回应大规模裁员8%:信息失实正常人员流动被夸大
- · 今晚,人类将"看见"黑洞
- · iPhone暂缺芯片,但投资人称苹果将是5G最大受益者
- · 周航: 我们在湖畔到底学什么?
- » 更多新闻...

Copyright ©2019 Bioinformatics