

天津医科大学实验课教案首页

(共 3 页、第 1 页)

| | | | |
|-------------------------------|-------|---------------------------------|--|
| 课程名称：分子生物计算 | | 实验名称：实验 3 生物序列处理 | |
| 教师姓名：伊现富 | 职称：讲师 | 教学日期：2018 年 11 月 27 日 8:00-9:40 | |
| 授课对象：生物医学工程与技术学院 2016 级生信班（本） | | 实验人数：28 | |
| 实验类型（验证型、综合型、设计型、创新型）：验证型 | | 实验分组：一人一机 | |
| 学时数：2 | | 教材版本：Perl 语言在生物信息学中的应用——基础篇 | |

实验目的与要求：

- 了解 Perl 语言中的标量和数组；Perl 语言中的上下文。
- 熟悉 Perl 语言中的字符串操作；读取文件中数据的方法。
- 掌握 Perl 语言在生物序列数据处理中的应用。

实验内容及学时分配：

- (5') 变量：比较 Perl 语言中的标量和数组。
- (5') 字符串操作：总结 Perl 语言中常见的字符串操作。
- (5') 读取文件：总结在 Perl 语言中读取文件数据的基本步骤。
- (5') 上下文：比较 Perl 语言中的标量上下文和列表上下文。
- (80') 实验操作：应用 Perl 语言处理生物序列数据。

主要仪器和实验材料：

- 主要仪器：一台安装有 Perl 语言（Linux 操作系统）的计算机。

实验重点、难点及解决策略：

- 重点难点：应用 Perl 语言处理生物序列数据。
- 解决策略：通过演示进行学习，通过练习熟练掌握。

思考题：

- 比较 Perl 语言中的标量和数组。
- 总结 Perl 语言中常见的字符串操作。
- 总结 Perl 语言中读取文件的基本步骤。
- 比较 Perl 语言中的标量上下文和列表上下文。

参考资料：

- Beginning Perl for Bioinformatics, James Tisdall, O'Reilly Media, 2001.
- Perl 语言入门（第六版），Randal L. Schwartz, brian d foy & Tom Phoenix 著，盛春 译，东南大学出版社，2012。
- Mastering Perl for Bioinformatics, James Tisdall, O'Reilly Media, 2003.
- 维基百科等网络资源。

主任签字：

年 月 日

教务处制

一、 变量 (5 分钟)

1. 标量: scalar, 单数, \$
2. 数组: array, 复数, @; 其中的元素是标量

二、 字符串操作 (5 分钟)

1. 连接: . 等多种方法
2. 替换: s///;
3. 反转: reverse
4. 翻译: tr

五、 实验操作 (80 分钟)

1. 存储并打印 DNA 序列

```
#!/usr/bin/perl -w
```

```
$DNA = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';  
print $DNA;
```

```
exit;
```

2. 连接 DNA 片段

```
#!/usr/bin/perl -w
```

```
$DNA1 = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';  
$DNA2 = 'ATAGTGCCGTGAGAGTGATGTAGTA';  
print "Here are the original two DNA fragments:\n\n";  
print $DNA1, "\n";  
print $DNA2, "\n\n";
```

```
$DNA3 = "$DNA1$DNA2";  
print "Concatenation of the first two fragments (version 1):\n\n";  
print "$DNA3\n\n";
```

```
$DNA3 = $DNA1 . $DNA2;  
print "Concatenation of the first two fragments (version 2):\n\n";  
print "$DNA3\n\n";
```

```
print "Concatenation of the first two fragments (version 3):\n\n";  
print $DNA1, $DNA2, "\n";
```

3. 把 DNA 转录成 RNA

```
#!/usr/bin/perl -w
```

```
$DNA = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';  
print "Here is the starting DNA:\n\n";  
print "$DNA\n\n";
```

```
$RNA = $DNA;  
$RNA =~ s/T/U/g;  
print "Here is the result of transcribing the DNA to RNA:\n\n";  
print "$RNA\n";
```

三、 读取文件 (5 分钟)

1. 关联文件和文件句柄
2. 通过文件句柄读取数据
3. 解关联文件和文件句柄

四、 上下文 (5 分钟)

1. 标量上下文: 返回标量
2. 列表上下文: 返回列表

4. 获取 DNA 序列的反向互补序列

```
#!/usr/bin/perl -w

$DNA = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';
print "Here is the starting DNA:\n\n";
print "$DNA\n\n";

$revcom = reverse $DNA;
$revcom =~ tr/ACGTacgt/TGCAtgca/;
print "Here is the reverse complement DNA:\n\n";
print "$revcom\n";
```

5. 从文件中读取蛋白质序列

```
#!/usr/bin/perl -w

$proteinfilename = 'NM_021964fragment.pep';

open( PROTEINFILE, $proteinfilename );
@protein = <PROTEINFILE>;
print @protein;
close PROTEINFILE;
```