分子生物计算
(*Perl 语言编程*)

天津医科大学
生物医学工程与技术学院

2018-2019 学年上学期（秋）
2016 级生信班

TIMTOWTDI
（条条大路通罗马）

伊现富（Yi Xianfu）

天津医科大学（TIJMU）
生物医学工程与技术学院

2019 年 1 月

帮助文档

```
1  # The Perl 5 language interpreter
2  man perl
3  # Look up Perl documentation in Pod format
4  man perldoc
5  perldoc perldoc
6
7  # Perl built-in function
8  perldoc -f BuiltinFunction
9  perldoc -f substr
10 # FAQ
11 perldoc -q FAQKeyword
12 perldoc -q random
13 # Perl predefined variable
14 perldoc -v PerlVariable
15 perldoc -v '$_'
```

启用警告

```
1  # Method1
2  # 使用命令行选项-w
3  perl -w script.pl
4
5  # Method2
6  # 在命令解释行使用-w
7  #!/usr/bin/perl -w
8
9  # Method3
10 # 使用use
11 use warnings;
```

字符串拼接

```perl
# Method1
$DNA3 = "$DNA1$DNA2"; print "$DNA3\n";

# Method2
print "$DNA1$DNA2\n";

# Method3
print $DNA1, $DNA2, "\n";

# Method4
$DNA3 = $DNA1 . $DNA2; print "$DNA3\n";

# Method5
$DNA3 = join "", $DNA1, $DNA2; print "$DNA3\n
  ";
```

文件读取

```perl
# Method1（只读取一行）
$protein = <PROTEINFILE>;

# Method2（读取所有行，一次性保存进数组）
@proteins = <PROTEINFILE>;

# Method3（依次读取每一行）
while (<PROTEINFILE>) {
   ...actions...
}

# Method4（读取所有行，一次性保存进标量）
$protein = do { local $/; <PROTEINFILE>; };
```

获取数组元素个数

```perl
# Methods1
$num = scalar @bases;

# Methods2
$num = @bases;

#Methods3
$num = $#bases + 1;
```

获取数组的第一个元素

```
1  # Method1
2  $first_gene = $genes[0];
3  #($first_gene) = $genes[0];
4
5  # Method2
6  ($first_gene) = @genes;
7
8  # Method3
9  $first_gene = shift @genes;
10 # 注意: shift会影响原始的@genes数组
```

获取数组的最后一个元素

```
1 # Method1
2 $last_gene = $genes[-1];
3
4 # Method2
5 $last_gene = $genes[$#genes];
6
7 # Method3
8 $last_gene = pop @genes;
9 # 注意：pop会影响原始的@genes数组
```

变量值 +1

```
1  # Methods1
2  $count++;
3
4  # Methods2
5  ++$count;
6
7  # Methods3
8  $count += 1;
9
10 # Methods4
11 $count = $count + 1;
```

计数核苷酸

```
1  # Methods1 (使用数组)
2  @DNA = split( '', $DNA );
3  foreach $base (@DNA) { ...count... }
4  # Methods2 (操作字符串)
5  for ( $pos=0 ; $pos < length $DNA ; ++$pos )
     {
6    $base = substr( $DNA, $pos, 1 ); ..count..
7  }
8  # Methods3 (模式匹配)
9  while ( $DNA =~ /a/ig ) { $a++ }
10 while ( $DNA =~ /[^acgt]/ig ) { $e++ }
11 # Methods4 (使用tr函数)
12 $a = ($DNA =~ tr/Aa/Aa/);
13 $basecount = ($DNA =~ tr/ACGTacgt/ACGTacgt/);
14 $nonbase = (length $DNA) - $basecount;
```

考试

考试安排

- 时间：1.9（周一），10:30-12:10
- 地点：西楼 510
- 时长：100 分钟
- 总分：100 分

题型与分值

1. 单选题：$25 \times 1 = 25$
2. 多选题：$20 \times 1 = 20$
3. 简答题：$4 \times 5 = 20$
4. 编程题：$5 \times 5 = 25$
5. 应用题：$1 \times 10 = 10$

考试

考试安排

- 时间：1.9（周一），10:30-12:10
- 地点：西楼 510
- 时长：100 分钟
- 总分：100 分

题型与分值

1. 单选题：$25 \times 1 = 25$
2. 多选题：$20 \times 1 = 20$
3. 简答题：$4 \times 5 = 20$
4. 编程题：$5 \times 5 = 25$
5. 应用题：$1 \times 10 = 10$

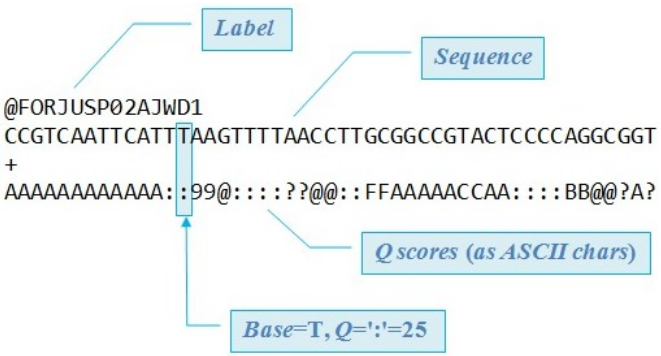
知识点

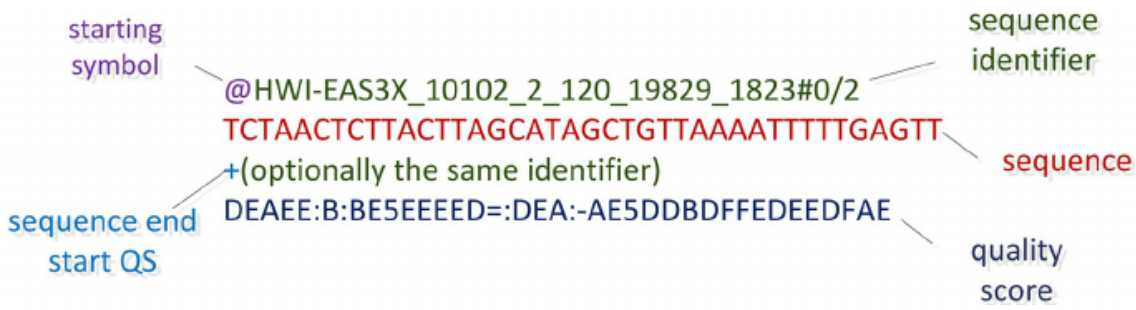
- 生物学基础：拉丁语，数据库，碱基/氨基酸代码，限制酶，点突变
- R：常用包
- Markdown：基本语法，格式转换
- Git：基本使用
- Perl 基础：CPAN，变量，赋值，use *，三大数据类型，上下文，子程序，调试器，排序，命令行参数，随机，关系数据库，my，编程流程，特殊变量，编程策略，构思步骤，字符串拼接，文件读取写入，perldoc，模块，设计理念，流程控制
- 数组：索引，操作，split，join
- 测试：条件操作符，字符串/数字/文件测试，真假
- 正则表达式：元字符，修饰符，匹配，替换，tr
- 编程：DNA 突变，相似性计算，限制酶的正则表征，子程序传递，序列两两比较，阅读框翻译，……

FATSQ

```
1) Read Name ──→ @SRR190851.108390742/1
2) Sequence Bases ──→ GAGATTGAGTCTTGCTTTGTCCCCAGGCTGGAGTGCAATGG
3) '+' ──→ +
4) Base Qualities ──→ ;@@@A;>5?B@DABBFA@=EE@E@FEFFHF=BECEFFED>F
1) Read Name ──→ @SRR190851.61391872/1
2) Sequence Bases ──→ CAACATGGTGAAACCCCGTCTCTACTAACATACAAAATTAG
3) '+' ──→ +
4) Base Qualities ──→ CBEBEFIIEIGDJHIJJ?GGHGKFGJEIGGIIIIKKKEIIK
1) Read Name ──→ @SRR190851.22176085/1
2) Sequence Bases ──→ TAGACTGAGGCCTAAGTCTCAGTCTGGGGCCTGGTACATGG
3) '+' ──→ +
4) Base Qualities ──→ @@?CCHECAEBEGDEHFDHEHGFGHB>GFAEHBEE;EGGI>
```

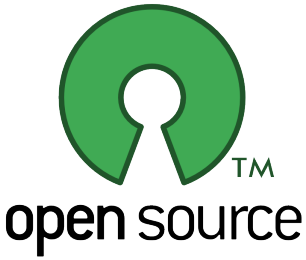
```
Identifier ──● @SRR566546.970 HWUSI-EAS1673_11067_FC7070M:4:1:2299:1109 length=50
Sequence ──● TTGCCTGCCTATCATTTTAGTGCCTGTGAGGTGGAGATGTGAGGATCAGT
'+' sign ──● +
Quality scores ──● hhhhhhhhhhghhghhhhhfhhhhhfffffe'ee['X]b[d[ed'[Y[^Y
Identifier ──● @SRR566546.971 HWUSI-EAS1673_11067_FC7070M:4:1:2374:1108 length=50
Sequence ──● GATTTGTATGAAAGTATACAACTAAAACTGCAGGTGGATCAGAGTAAGTC
'+' sign ──● +
Quality scores ──● hhhhgfhhcghghggfcffdhfehhhhcehdchhdhahehffffde'bVd
```






```
!"#$%&'()*+,-./0123456789:;<=>?@ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ[\]^_`abcdefghijklmnopqrstuvwxyz{|}~
|                          |    |        |                              |                   |
33                         59   64       73                             104                 126
0........................26...31.......40
     SANGER/Illumina 1.8+: Phred+33
                         -5....0........9.............................40
                                  Solexa: Solexa+64
                            0........9.............................40
                                    Illumina 1.3+: Phred+64
                               3.....9.............................40
                                     Illumina 1.5+: Phred+64
```

Powered by



TEX LATEX XETEX Beamer