

# 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

2016-2017 学年上学期 (秋)  
2014 级生信班

# 第八章 遗传密码

伊现富 (Yi Xianfu)

天津医科大学 (TJMU)  
生物医学工程与技术学院

2015 年 12 月



# 教学提纲

1

引言

2

散列

3

数据结构和算法

4

遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5

DNA 翻译成蛋白质

6

读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7

阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8

回顾和总结

- 总结
- 思考题

9

扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据

# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



## 已经学习

- 查找基序
- 模拟 DNA 突变
- 生成随机序列
- DNA 转录成 RNA

## 即将学习

- Perl 中的散列
- DNA 翻译成蛋白质
- 处理 FASTA 文件



## 已经学习

- 查找基序
- 模拟 DNA 突变
- 生成随机序列
- DNA 转录成 RNA

## 即将学习

- Perl 中的散列
- DNA 翻译成蛋白质
- 处理 FASTA 文件



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

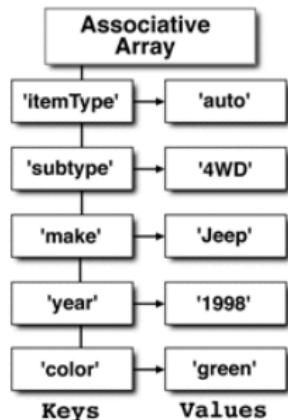
- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 散列 | 简介



%Perez

Age	21
Name	"Jeff"
Eyes	"Br"
Temp	98.6

\$Perez{'Eyes'} = "Br";

%Kleiner

Age	21
Name	"Dave"
Eyes	"Blue"
Temp	99.0

\$Kleiner{'Temp'} = 99.0;



# 散列 | 初始化

```
1 %classification = (  
2     'dog',          'mammal',  
3     'robin',         'bird',  
4     'asp',           'reptile',  
5 );  
6  
7 # 更加清晰易懂  
8 %classification = (  
9     'dog'    => 'mammal',  
10    'robin'   => 'bird',  
11    'asp'     => 'reptile',  
12 );
```



- 胖箭头 (`=>`) : 对 Perl 而言, 只是逗号的另一种写法, 因此常被称为胖逗号
- 在任何需要逗号 (,) 的地方都可以用胖箭头 (`=>`) 代替, 对 Perl 而言没有区别
- 胖箭头左边的任何裸字 (一连串的字母、数字和下划线, 但不得以数字开头) 都会自动加上引号, 因此胖箭头左边的裸字不需要加引号
- 在作为散列键使用时, 如果花括号内只有裸字时, 两边的引号也可以省略
- 列表末尾有一个额外的逗号, 这种写法无伤大雅, 而且便于维护 (添加/删除)



# 散列 | 键值操作

```
1 # 给键赋值
2 $english_dictionary{'recreant'} = "One who
   calls out in surrender.";
3 # 散列 (hash) : %english_dictionary
4 # 键 (key) : 标量, 'recreant'
5 # 值 (value) : 标量, "One who calls out in
   surrender."
6
7 # 提取键对应的值
8 $english_dictionary{'recreant'};
9 $definition = $english_dictionary{'recreant'};
```



# 散列 | 常用函数 | keys & values

```
1 # 初始化散列
2 %hash = (a=>1, b=>2, c=>3);
3
4 # 获取键列表 (所有的键)
5 @keys = keys %hash;
6 # 获取值列表 (所有的值)
7 @values = values %hash;
8 # @keys和@values各自的顺序不定, 但两者总是一一对应
9
10 # 获取散列元素 (键值对) 的个数
11 $count = keys %hash;
12 $count = values %hash;
13 # 列表上下文
```



# 散列 | 常用函数 | each

```
1 # 逐项处理散列中的每一个元素
2 while ( ($key, $value) = each %hash ) {
3     print "$key => $value\n";
4 }
5 # each返回的键值对的顺序是乱的，但它与keys和values
6 # 返回的顺序相同，即散列的自然顺序
7
8 foreach my $key (sort keys %hash) {
9     my $value = $hash{$key};
10    print "$key => $value\n";
11 }
```



# 散列 | 常用函数 | 判断真假

```
1 # 真
2 if ($books{$someone}) {
3     print "$someone has at least one book
checked out.\n";
4 }
5
6 # 假
7 # 现在没有借阅图书
8 $books{"barney"} = 0
9 # 这是张新办的借书证，从未借阅过图书
10 $books{"pebbles"} = undef;
```



# 散列 | 常用函数 | delete

```
1 # 删除指定的键及其相对应的值  
2 delete $books{$person};  
3 # 撤消$person的借书证  
4 # delete之后, 键不会出现在散列之中  
5  
6 $books{$person} = undef;  
7 # 键依然存在于散列之中
```



# 散列 | 常用函数 | reverse

```
1 %hash = (a=>1, b=>2, c=>3);  
2  
3 # 只适用于散列值不重复的情况，否则会导致重复的键  
4 # “后发先至”：最后的键会覆盖之前的键  
5 %inverse_hash = reverse %hash;  
6 # %inverse_hash = (1=>a, 2=>b, 3=>c);
```



# 散列 | 常用函数 | 元素内插

```
1 # 可以将单一散列元素内插到双引号包裹起来的字符串中
2 foreach $person (sort keys %books) {
3     if ($books{$person}) {
4         print "$person has $books{$person} items
5             .\n";
6     }
7 }
8 # 注意：不支持内插整个散列 ("%books")
9 print "%books";
10 # 包含6个字符的字符串：%books
```



## defined

- 判断某个字符串是 undef 而不是空字符串
- 如果是 undef, 返回假; 否则返回真

## exists

- 检查散列中是否存在某个键, 和键对应的值无关
- 如果键存在, 返回真; 否则返回假



## defined

- 判断某个字符串是 `undef` 而不是空字符串
- 如果是 `undef`, 返回假; 否则返回真

## exists

- 检查散列中是否存在某个键, 和键对应的值无关
- 如果键存在, 返回真; 否则返回假



# 散列 | 常用函数 | defined vs. exists

```
1 #!/usr/bin/perl
2
3 use strict;
4 use warnings;
5 use utf8;
6
7 my %hash = (
8     a => 1,
9     b => 0,
10    c => "0",
11    d => "undef",
12    e => undef,
13 );
```



# 散列 | 常用函数 | defined vs. exists

```
1 if ( defined $hash{a} ) {  
2     print "defined: $hash{a} (number) is TRUE!\n";  
3 }  
4 if ( defined $hash{b} ) {  
5     print "defined: $hash{b} (number) is TRUE!\n";  
6 }  
7 if ( defined $hash{c} ) {  
8     print "defined: $hash{c} (string) is TRUE!\n";  
9 }  
10 if ( defined $hash{d} ) {  
11     print "defined: $hash{d} (string) is TRUE!\n";  
12 }  
13 unless ( defined $hash{e} ) {  
14     print "defined: undef is FALSE!\n";  
15 }  
16 unless ( defined $hash{x} ) {  
17     print "defined: key ?x? is FALSE!\n";  
18 }
```



# 散列 | 常用函数 | defined vs. exists

```
1 if ( exists $hash{a} ) {  
2     print "exists: key a is TURE!\n";  
3 }  
4 if ( exists $hash{b} ) {  
5     print "exists: key b is TURE!\n";  
6 }  
7 if ( exists $hash{c} ) {  
8     print "exists: key c is TURE!\n";  
9 }  
10 if ( exists $hash{d} ) {  
11     print "exists: key d is TURE!\n";  
12 }  
13 if ( exists $hash{e} ) {  
14     print "exists: key e is TURE!\n";  
15 }  
16 unless ( exists $hash{x} ) {  
17     print "exists: key ?x? is FALSE!\n";  
18 }
```



# 散列 | 常用函数 | defined vs. exists

```
1 if ( $hash{a} ) {
2     print "value: $hash{a} (number) is TURE!\n";
3 }
4 unless ( $hash{b} ) {
5     print "value: $hash{b} (number) is FALSE!\n";
6 }
7 unless ( $hash{c} ) {
8     print "value: $hash{c} (string) is FALSE!\n";
9 }
10 if ( $hash{d} ) {
11     print "value: $hash{d} (string) is TURE!\n";
12 }
13 unless ( $hash{e} ) {
14     print "value: undef is FALSE!\n";
15 }
16 unless ( $hash{x} ) {
17     print "value: key ?x? is FALSE!\n";
18 }
```



## 三大类

- 标量变量 (scalar variable) : \$scalar
- 数组 (array) : @array
- 散列 (hash, associative array) : %hash

## 数组 vs. 散列

- 数组元素: \$array[0]
- 散列查找: \$hash{'key'}



## 三大类

- 标量变量 (scalar variable) : \$scalar
- 数组 (array) : @array
- 散列 (hash, associative array) : %hash

## 数组 vs. 散列

- 数组元素: \$array[0]
- 散列查找: \$hash{'key'}



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

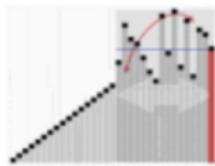
9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 数据结构和算法 | 简介

$O(n^2)$



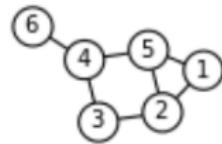
算法分析

12 → 99 → 37 → ⊗

→



计算几何



图论



## 算法

算法 (algorithm) 指定义良好的计算过程，它取一个或一组值作为输入，经过一系列定义好的计算过程，得到一个或一组输出。

不同的算法通常需要不同的数据结构。

## 数据结构

数据结构 (data structure) 是计算机中存储、组织数据的方式。

数据结构意味着接口或封装：一个数据结构可被视为两个函数之间的接口，或者是由数据类型联合组成的存储内容的访问方法封装。

不同种类的数据结构适合不同种类的应用，部分数据结构甚至是为了解决特定问题而设计出来的。**正确的数据结构选择可以提高算法的效率。**在计算机程序设计的过程里，选择适当的数据结构是一项重要工作。许多大型系统的编写经验显示，程序设计的困难程度与最终成果的质量与表现，取决于是否选择了最适合的数据结构。

## 算法

算法 (algorithm) 指定义良好的计算过程，它取一个或一组值作为输入，经过一系列定义好的计算过程，得到一个或一组输出。

不同的算法通常需要不同的数据结构。

## 数据结构

数据结构 (data structure) 是计算机中存储、组织数据的方式。

数据结构意味着接口或封装：一个数据结构可被视为两个函数之间的接口，或者是由数据类型联合组成的存储内容的访问方法封装。

不同种类的数据结构适合不同种类的应用，部分数据结构甚至是为了解决特定问题而设计出来的。**正确的数据结构选择可以提高算法的效率。**在计算机程序设计的过程里，选择适当的数据结构是一项重要工作。许多大型系统的编写经验显示，程序设计的困难程度与最终成果的质量与表现，取决于是否选择了最适合的数据结构。

## 生物学问题

特定环境条件下、特性类型细胞中，人类基因组中的每一个基因是否表达？

## 实验方法与数据处理

- 基因芯片、RNA 测序……
- 芯片：探针  $\rightarrow$  基因；亮度  $\rightarrow$  表达值
- 测序：reads  $\rightarrow$  基因；reads 数  $\rightarrow$  表达值
- 其他：质量控制，标准化，基因注释，……

## 最终数据

- 所有基因（30000）：基因名
- 表达基因（8000）的表达水平：具体数值
- 未表达基因（22000）的表达值：0

## 生物学问题

特定环境条件下、特性类型细胞中，人类基因组中的每一个基因是否表达？

## 实验方法与数据处理

- 基因芯片、RNA 测序……
- 芯片：探针  $\Rightarrow$  基因；亮度  $\Rightarrow$  表达值
- 测序：reads  $\Rightarrow$  基因；reads 数  $\Rightarrow$  表达值
- 其他：质量控制，标准化，基因注释，……

## 最终数据

- 所有基因（30000）：基因名
- 表达基因（8000）的表达水平：具体数值
- 未表达基因（22000）的表达值：0

## 生物学问题

特定环境条件下、特性类型细胞中，人类基因组中的每一个基因是否表达？

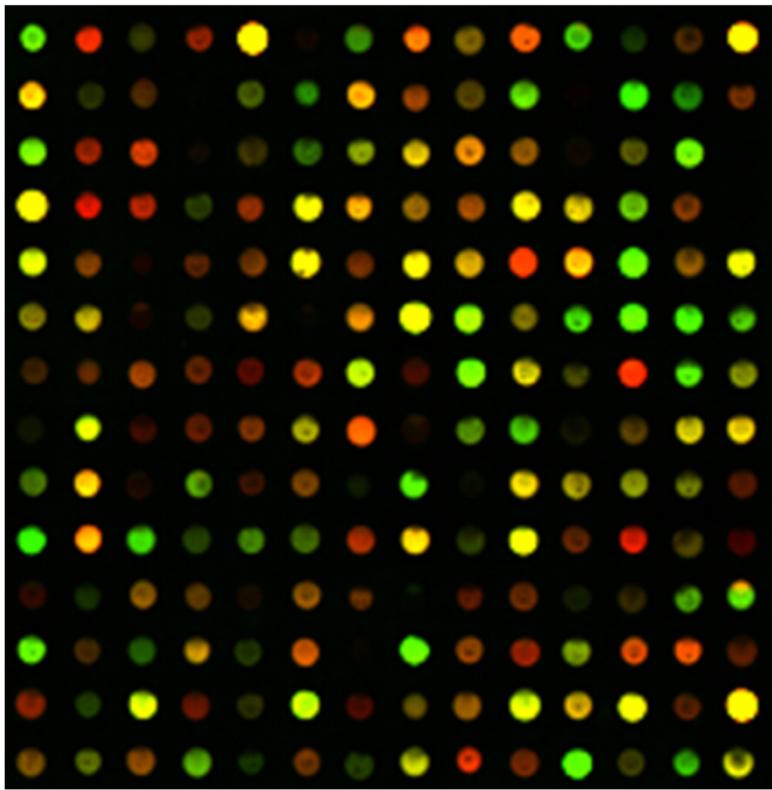
## 实验方法与数据处理

- 基因芯片、RNA 测序……
- 芯片：探针  $\Rightarrow$  基因；亮度  $\Rightarrow$  表达值
- 测序：reads  $\Rightarrow$  基因；reads 数  $\Rightarrow$  表达值
- 其他：质量控制，标准化，基因注释，……

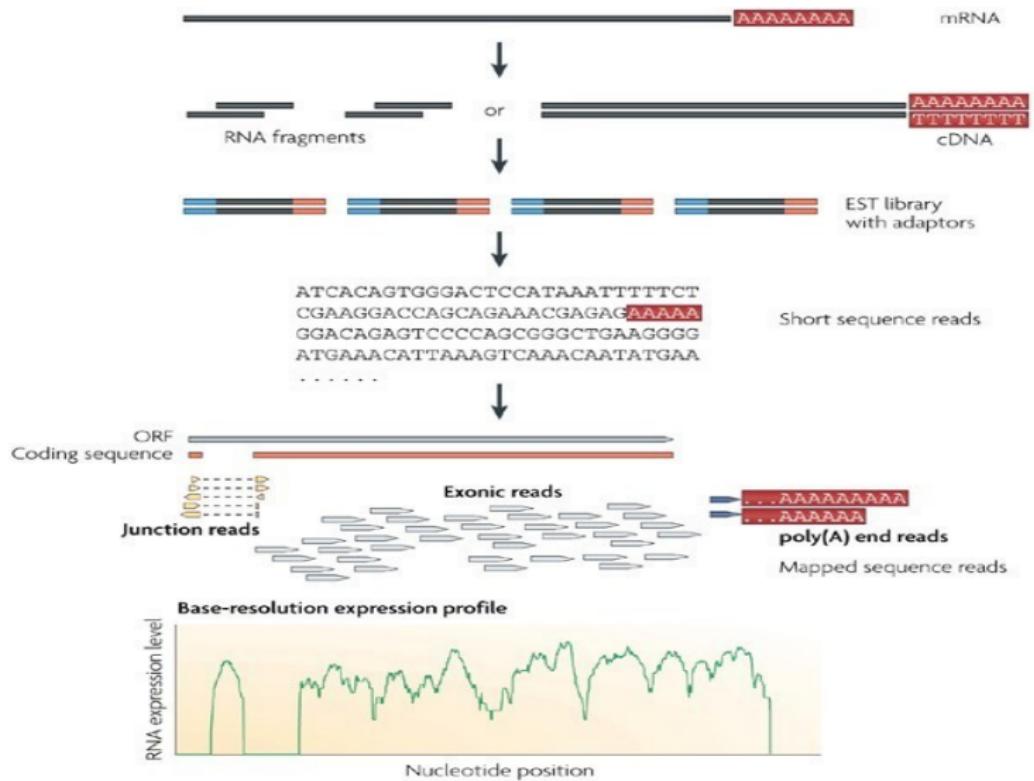
## 最终数据

- 所有基因（30000）：基因名
- 表达基因（8000）的表达水平：具体数值
- 未表达基因（22000）的表达值：0

# 数据结构和算法 | 基因表达 | 芯片



# 数据结构和算法 | 基因表达 | RNA-Seq



## 具体实现

只在数组中存储表达基因（8000）的基因名，丢弃未表达基因的基因名

## 可能的问题

- 查找表达基因：平均比较 4000 次
- 查找未表达基因：必须比较 8000 次
- 查找未研究的基因：未表达？未研究？



## 具体实现

只在数组中存储表达基因（8000）的基因名，丢弃未表达基因的基因名

## 可能的问题

- 查找表达基因：平均比较 4000 次
- 查找未表达基因：必须比较 8000 次
- 查找未研究的基因：未表达？未研究？



## 改进方法

- 把 30000 个基因全部存储到数组中
- 把表达值附加在基因名的后面

## 存在的问题

- 每次查询：平均比较 15000 次
- 分割基因名和表达值



## 改进方法

- 把 30000 个基因全部存储到数组中
- 把表达值附加在基因名的后面

## 存在的问题

- 每次查询：平均比较 15000 次
- 分割基因名和表达值



## 具体实现

- 把所有基因名按照字母顺序排序后存储到数组中
- 使用折半查找的算法进行查找

## 优缺点

- 优点：只需大约 15 次循环比较即可
- 缺点：需要首先对列表进行排序
- 缺点：添加新元素时稍显繁琐



## 具体实现

- 把所有基因名按照字母顺序排序后存储到数组中
- 使用折半查找的算法进行查找

## 优缺点

- 优点：只需大约 15 次循环比较即可
- 缺点：需要首先对列表进行排序
- 缺点：添加新元素时稍显繁琐



## 具体实现

- 基因名  $\Rightarrow$  散列的键
- 表达值  $\Rightarrow$  散列的值

## 优缺点

- 优点：查找速度通常比折半查找快
- 优点：可以明确知道要查找的基因是否在数据集中存在
- 优点：添加或删除元素时非常方便
- 缺点：其中的元素没有经过排序



## 具体实现

- 基因名  $\Rightarrow$  散列的键
- 表达值  $\Rightarrow$  散列的值

## 优缺点

- 优点：查找速度通常比折半查找快
- 优点：可以明确知道要查找的基因是否在数据集中存在
- 优点：添加或删除元素时非常方便
- 缺点：其中的元素没有经过排序



## 未排序的数组

- 需要遍历数组，速度很慢
- 必须要把基因名和表达值分割开来

## 排序数组和折半查找

- 查找速度大幅提升
- 必须对列表进行排序
- 不停的插入元素、重新排序会非常慢

## 散列

- 键：基因名；值：表达值
- 相比折半查找有优势：速度快，明确是否被定义，添加或删除元素不需重排序
- 缺点：其中元素没有被排序

## 未排序的数组

- 需要遍历数组，速度很慢
- 必须要把基因名和表达值分割开来

## 排序数组和折半查找

- 查找速度大幅提升
- 必须对列表进行排序
- 不停的插入元素、重新排序会非常慢

## 散列

- 键：基因名；值：表达值
- 相比折半查找有优势：速度快，明确是否被定义，添加或删除元素不需重排序
- 缺点：其中元素没有被排序

## 未排序的数组

- 需要遍历数组，速度很慢
- 必须要把基因名和表达值分割开来

## 排序数组和折半查找

- 查找速度大幅提升
- 必须对列表进行排序
- 不停的插入元素、重新排序会非常慢

## 散列

- 键：基因名；值：表达值
- 相比折半查找有优势：速度快，明确是否被定义，添加或删除元素不需重排序
- 缺点：其中元素没有被排序

## 需求

- 看看某个元素是否在数据集中，元素的顺序无所谓
- 数据集需要排序、相对快速的查找，不需要频繁添加或删减元素
- 不需要对元素排序，但需要快速找到最新添加的元素
- 不需要对元素排序，但需要添加元素、移除“最老”的元素

## 数据结构

- 散列
- 排序数组结合折半查找
- 数组结合 push 和 pop 函数
- 数组结合 push 和 shift 函数

## 需求

- 看看某个元素是否在数据集中，元素的顺序无所谓
- 数据集需要排序、相对快速的查找，不需要频繁添加或删减元素
- 不需要对元素排序，但需要快速找到最新添加的元素
- 不需要对元素排序，但需要添加元素、移除“最老”的元素

## 数据结构

- 散列
- 排序数组结合折半查找
- 数组结合 push 和 pop 函数
- 数组结合 push 和 shift 函数

## 需求

- 看看某个元素是否在数据集中，元素的顺序无所谓
- 数据集需要排序、相对快速的查找，不需要频繁添加或删减元素
- 不需要对元素排序，但需要快速找到最新添加的元素
- 不需要对元素排序，但需要添加元素、移除“最老”的元素

## 数据结构

- 散列
- 排序数组结合折半查找
- 数组结合 push 和 pop 函数
- 数组结合 push 和 shift 函数

## 需求

- 看看某个元素是否在数据集中，元素的顺序无所谓
- 数据集需要排序、相对快速的查找，不需要频繁添加或删减元素
- 不需要对元素排序，但需要快速找到最新添加的元素
- 不需要对元素排序，但需要添加元素、移除“最老”的元素

## 数据结构

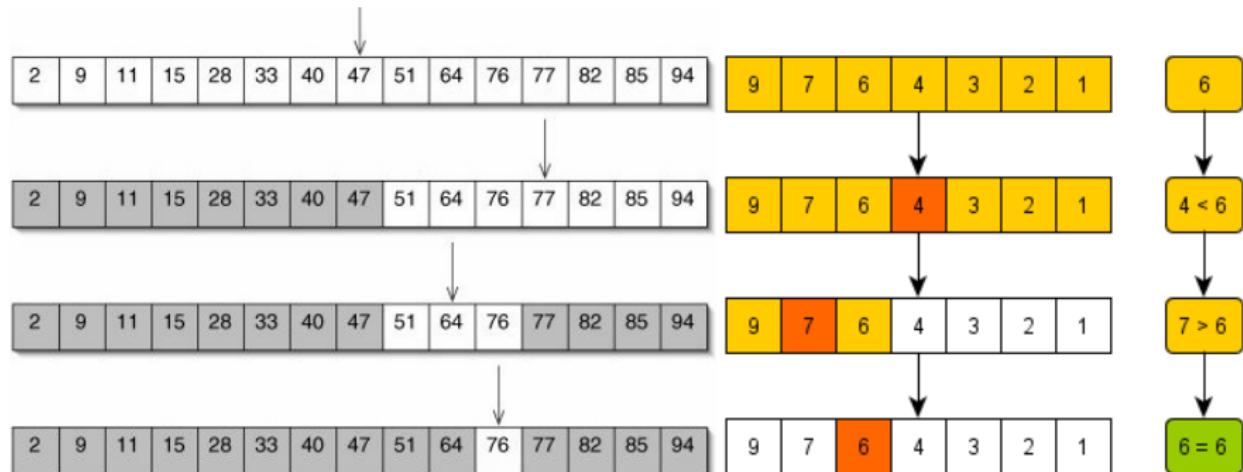
- 散列
- 排序数组结合折半查找
- 数组结合 push 和 pop 函数
- 数组结合 push 和 shift 函数

# 数据结构和算法 | 折半查找

```
1 # 折半查找 (binary search) 的伪代码
2 Given a sorted array, and an element:
3
4 Until you find the element or discover it's not
5 there,
6
7 Pick the midpoint of the array, $array[scalar(
8 @array)/2]
9
10 Compare your element with the element at the
11 midpoint
12
13 If that matches your element, you're done.
14 Else, ignore the half of the array that your
15 element is not in
16 }
```



# 数据结构和算法 | 折半查找



# 数据结构和算法 | 比较与排序

```
1 # 两个字符串一样, 返回0
2 'ZZZ' cmp 'ZZZ'
3
4 # 两个字符串按字母顺序排列, 返回-1
5 'AAA' cmp 'ZZZ'
6
7 # 两个字符串按字母顺序的逆序排列, 返回1
8 'ZZZ' cmp 'AAA'
9
10 # 按照字母顺序/逆序对由字符串构成的数组进行排序
11 @array = sort @array;
12 @array = sort { $a cmp $b } @array;
13 @array = sort { $b cmp $a } @array;
14
15 # 以升序/降序对由数字构成的数组进行排序:
16 @array = sort { $a <=gt; $b } @array;
17 @array = sort { $b <=gt; $a } @array;
```



```
1 # 查看某个散列值是否被定义  
2 if ( defined $myhash{'mykey'} ) { ... }  
3  
4 # 对散列的键进行排序  
5 @sorted_keys = sort keys %my_hash;  
6  
7 # 对散列的值进行排序  
8 @sorted_values = sort values %my_hash;
```

## 散列

- Perl 的内置数据类型，易使用、易编程
- 对于程序员来说，懒惰的方法通常是最有效的方法（节省编程的时间通常要比节省程序运行的时间更加重要一些）

```
1 # 查看某个散列值是否被定义  
2 if ( defined $myhash{'mykey'} ) { ... }  
3  
4 # 对散列的键进行排序  
5 @sorted_keys = sort keys %my_hash;  
6  
7 # 对散列的值进行排序  
8 @sorted_values = sort values %my_hash;
```

## 散列

- Perl 的内置数据类型，易使用、易编程
- 对于程序员来说，懒惰的方法通常是最有效的方法（节省编程的时间通常要比节省程序运行的时间更加重要一些）

## 数据库

数据库，简单来说可视为电子化的文件柜——存储电子文件的处所，用户可以对文件中的数据运行新增、截取、更新、删除等操作。适用于存储和访问海量数据。

数据库指的是以一定方式储存在一起、能为多个用户共享、具有尽可能小的冗余度、与应用程序彼此独立的数据集合。

## 数据库管理系统

数据库管理系统（Database Management System, DBMS）是为管理数据库而设计的电脑软件系统，一般具有存储、截取、安全保障、备份等基础功能。

数据库管理系统可以依据它所支持的数据库模型来作分类（关系式、XML），或依据所支持的电脑类型来作分类（服务器群集、移动电话），或依据所用查询语言来作分类（SQL、XQuery），或依据性能冲量重点来作分类（最大规模、最高运行速度），亦或其他的分类方式。不论使用哪种分类方式，一些DBMS能够跨类，例如，同时支持多种查询语言。

## 数据库

数据库，简单来说可视为电子化的文件柜——存储电子文件的处所，用户可以对文件中的数据运行新增、截取、更新、删除等操作。适用于存储和访问海量数据。

数据库指的是以一定方式储存在一起、能为多个用户共享、具有尽可能小的冗余度、与应用程序彼此独立的数据集合。

## 数据库管理系统

数据库管理系统（Database Management System, DBMS）是为管理数据库而设计的电脑软件系统，一般具有存储、截取、安全保障、备份等基础功能。

数据库管理系统可以依据它所支持的数据库模型来作分类（关系式、XML），或依据所支持的电脑类型来作分类（服务器群集、移动电话），或依据所用查询语言来作分类（SQL、XQuery），或依据性能冲量重点来作分类（最大规模、最高运行速度），亦或其他的分类方式。不论使用哪种分类方式，一些DBMS能够跨类，例如，同时支持多种查询语言。

关系数据库 (relational database) , 是建立在关系模型基础上的数据库, 借助于集合代数等数学概念和方法来处理数据库中的数据。关系数据库是存储和提取海量数据最流行的方法。

关系数据库把数据组织成表格进行存储。表是以行和列的形式组织起来的数据的集合。一个数据库包括一个或多个表。例如, 可能有一个有关作者信息的名为 authors 的表。每列都包含特定类型的信息, 如作者的姓氏。每行都包含有关特定作者的所有信息: 姓、名、住址等等。在关系型数据库当中一个表就是一个关系, 一个关系数据库可以包含多个表。

数据通常通过一种查询语言进行输入和提取, 即结构化查询语言 (SQL, Structured Query Language) 语言。SQL 是 1974 年由 Boyce 和 Chamberlin 提出的一种介于关系代数与关系演算之间的结构化查询语言, 是一个通用的、功能极强的关系型数据库语言。



**School Table**

ID	Name
S001	University of Technology
S002	University of Applied Science

**Student Table**

School ID	ID	Name	DOB
S001	UT-1000	Tommy	05/06/1995
S001	UT-1000	Better	16/04/1995
S002	UAS-1000	Linda	02/09/1995
S002	UAS-1000	Jonathan	22/06/1995



The DBI(Perl's Database Interface) is the standard database interface module for Perl. It defines a set of methods, variables and conventions that provide a consistent database interface independent of the actual database being used.



DBM (database management) 是一种文件数据储存数据，由于采用散列结构进行链接，因此具有一些数据库的特点功能。与普通文本数据库相比，具有稳定、检索速度快和支持量大的优点。由于 DBM 是从 Unix 系统中移植来的，因此在 Unix/linux 系统中优点比较明显，而在 NT 系统中则不太理想，在 NT 中使用有时会令数据文件变得十分庞大。

DBM 数据库采用散列方式保存数据，并与散列结合使用。



## DBM

Perl 中简单的、内置的一种方法，来存储散列数据

### 初始化

启动后，把一个散列“绑定”到计算机硬盘上的一个文件

### 使用

像使用散列一样使用它（查找、添加、删除……）

### 特色

- 简单且非常有用的数据库
- 适用于键-值数据集

## DBM

Perl 中简单的、内置的一种方法，来存储散列数据

## 初始化

启动后，把一个散列“绑定”到计算机硬盘上的一个文件

## 使用

像使用散列一样使用它（查找、添加、删除……）

## 特色

- 简单且非常有用的数据库
- 适用于键-值数据集

## DBM

Perl 中简单的、内置的一种方法，来存储散列数据

## 初始化

启动后，把一个散列“绑定”到计算机硬盘上的一个文件

## 使用

像使用散列一样使用它（查找、添加、删除……）

## 特色

- 简单且非常有用的数据库
- 适用于键-值数据集



## DBM

Perl 中简单的、内置的一种方法，来存储散列数据

## 初始化

启动后，把一个散列“绑定”到计算机硬盘上的一个文件

## 使用

像使用散列一样使用它（查找、添加、删除……）

## 特色

- 简单且非常有用的数据库
- 适用于键-值数据集



## Problem

You want to create, populate, inspect, or delete values in a DBM database.

## Solution

Use **dbmopen** or **tie** to open the database and make it accessible through a hash. Then use the hash as you normally would. When you're done, call **dbmclose** or **untie**.

## Discussion

Accessing a database as a hash is powerful but easy, giving you a persistent hash that sticks around after the program using it has finished running. It's also much faster than loading in a new hash every time; even if the hash has a million entries, your program starts up virtually instantaneously.

The program treats the database as though it were a normal hash. You can even call `keys` or `each` on it. Likewise, `exists` ...

## Problem

You want to create, populate, inspect, or delete values in a DBM database.

## Solution

Use **dbmopen** or **tie** to open the database and make it accessible through a hash. Then use the hash as you normally would. When you're done, call **dbmclose** or **untie**.

## Discussion

Accessing a database as a hash is powerful but easy, giving you a persistent hash that sticks around after the program using it has finished running. It's also much faster than loading in a new hash every time; even if the hash has a million entries, your program starts up virtually instantaneously.

The program treats the database as though it were a normal hash. You can even call `keys` or `each` on it. Likewise, exists ...

## Problem

You want to create, populate, inspect, or delete values in a DBM database.

## Solution

Use **dbmopen** or **tie** to open the database and make it accessible through a hash. Then use the hash as you normally would. When you're done, call **dbmclose** or **untie**.

## Discussion

Accessing a database as a hash is powerful but easy, giving you a persistent hash that sticks around after the program using it has finished running. It's also much faster than loading in a new hash every time; even if the hash has a million entries, your program starts up virtually instantaneously.

The program treats the database as though it were a normal hash. You can even call `keys` or `each` on it. Likewise, `exists` ...

# 数据结构和算法 | DBM | Perl | dbmopen

```
1 use DB_File; # optional; overrides default
2 dbmopen %HASH, $FILENAME, 0666 # open
   database, accessed through %HASH
3 or die "Can't open $FILENAME:$!\\n";
4
5 $V = $HASH{$KEY}; # retrieve from database
6 $HASH{$KEY} = $VALUE; # put value into
   database
7 if (exists $HASH{$KEY}) { # check whether in
   database
8   # ...
9 }
10 delete $HASH{$KEY}; # remove from database
11 dbmclose %HASH; # close the database
```



# 数据结构和算法 | DBM | Perl | tie

```
1 use DB_File;    # load database module
2
3 tie %HASH, "DB_File", $FILENAME    # open
   database, to be accessed
4 or die "Can't open $FILENAME:$!\\n";  #
   through %HASH
5
6 $V = $HASH{$KEY};    # retrieve from database
7 $HASH{$KEY} = $VALUE;  # put value into
   database
8 if (exists $HASH{$KEY}) {    # check whether in
   database
9   # ...
10 }
11 delete $HASH{$KEY};  # delete from database
12 untie %HASH;    # close the database
```



# 数据结构和算法 | DBM | Perl | 实例

```
1 #!/usr/bin/perl
2 use warnings; use strict;
3
4 my %MYDB;
5 # 创建或打开DBM; 如果是新建DBM, 会自动生成mydb.dir和mydb
6 .pag两个文件
6 dbmopen(%MYDB, "mydb", 0644) or die "Can not
    access the database";
7
8 # 添加key/value对
9 $MYDB{name1} = "will1"; $MYDB{name2} = "will2";
10 # 读取内容
11 foreach my $key (keys %MYDB) {
12     print "$key\t$MYDB{$key}\n";
13 }
14
15 # 关闭DBM
16 dbmclose(%MYDB) or die "Can not close database";
```



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据

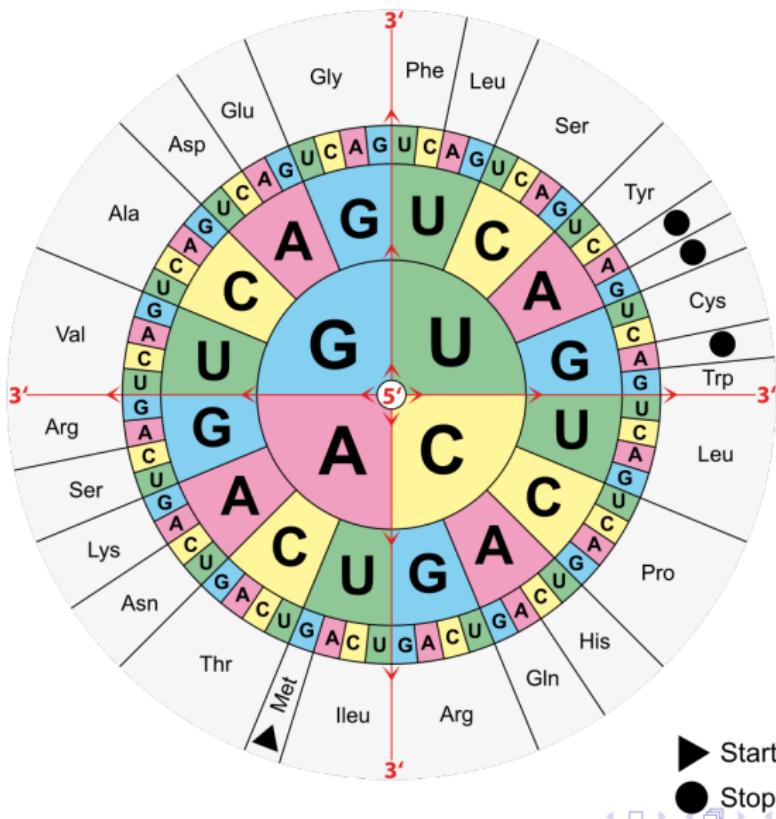


遗传密码 (genetic code) 是一组规则，将 DNA 或 mRNA 序列以三个核苷酸为一组的密码子 (codon) 翻译为蛋白质的氨基酸序列，用于蛋白质合成。

几乎所有的生物都使用同样的遗传密码，称为标准遗传密码；即使是非细胞结构的病毒，它们也是使用标准遗传密码。但是也有少数生物使用一些稍微不同的遗传密码。



# 遗传密码 | 简介



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
  - 遗传密码的冗余性
  - 使用散列表表示遗传密码
- 5 DNA 翻译成蛋白质
- 6 读取 FASTA 格式的 DNA
- 序列格式
  - 读取 FASTA 文件的思路
  - 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



## 生物学目的

把三个核苷酸的密码子翻译成氨基酸。

## 程序实现

输入三字母的 DNA 密码子，返回一个单字母缩写表示的氨基酸。



## 生物学目的

把三个核苷酸的密码子翻译成氨基酸。

## 程序实现

输入三字母的 DNA 密码子，返回一个单字母缩写表示的氨基酸。



# 遗传密码 | 密码子翻译

```
1 # codon2aa
2 #
3 # A subroutine to translate a DNA 3-character codon to
4 # an amino acid
5 sub codon2aa {
6     my($codon) = @_;
7
8     if ( $codon =~ /TCA/i ) { return 'S' } # Serine
9     elsif ( $codon =~ /TCC/i ) { return 'S' } # Serine
10    elsif ( $codon =~ /TCG/i ) { return 'S' } # Serine
11    elsif ( $codon =~ /TCT/i ) { return 'S' } # Serine
12    elsif ( $codon =~ /TTC/i ) { return 'F' } #
Phenylalanine
13   elsif ( $codon =~ /TTT/i ) { return 'F' } #
Phenylalanine
14   elsif ( $codon =~ /TTA/i ) { return 'L' } # Leucine
15   elsif ( $codon =~ /TTG/i ) { return 'L' } # Leucine
```



# 遗传密码 | 密码子翻译

```
16  elsif ( $codon =~ /TAC/i ) { return 'Y' } # Tyrosine
17  elsif ( $codon =~ /TAT/i ) { return 'Y' } # Tyrosine
18  elsif ( $codon =~ /TAA/i ) { return '-' } # Stop
19  elsif ( $codon =~ /TAG/i ) { return '-' } # Stop
20  elsif ( $codon =~ /TGC/i ) { return 'C' } # Cysteine
21  elsif ( $codon =~ /TGT/i ) { return 'C' } # Cysteine
22  elsif ( $codon =~ /TGA/i ) { return '-' } # Stop
23  elsif ( $codon =~ /TGG/i ) { return 'W' } # Tryptophan
24  elsif ( $codon =~ /CTA/i ) { return 'L' } # Leucine
25  elsif ( $codon =~ /CTC/i ) { return 'L' } # Leucine
26  elsif ( $codon =~ /CTG/i ) { return 'L' } # Leucine
27  elsif ( $codon =~ /CTT/i ) { return 'L' } # Leucine
28  elsif ( $codon =~ /CCA/i ) { return 'P' } # Proline
29  elsif ( $codon =~ /CCC/i ) { return 'P' } # Proline
30  elsif ( $codon =~ /CCG/i ) { return 'P' } # Proline
31  elsif ( $codon =~ /CCT/i ) { return 'P' } # Proline
32  elsif ( $codon =~ /CAC/i ) { return 'H' } # Histidine
33  elsif ( $codon =~ /CAT/i ) { return 'H' } # Histidine
```



# 遗传密码 | 密码子翻译

```
34  elsif ( $codon =~ /CAA/i ) { return 'Q' } # Glutamine
35  elsif ( $codon =~ /CAG/i ) { return 'Q' } # Glutamine
36  elsif ( $codon =~ /CGA/i ) { return 'R' } # Arginine
37  elsif ( $codon =~ /CGC/i ) { return 'R' } # Arginine
38  elsif ( $codon =~ /CGG/i ) { return 'R' } # Arginine
39  elsif ( $codon =~ /CGT/i ) { return 'R' } # Arginine
40  elsif ( $codon =~ /ATA/i ) { return 'I' } # Isoleucine
41  elsif ( $codon =~ /ATC/i ) { return 'I' } # Isoleucine
42  elsif ( $codon =~ /ATT/i ) { return 'I' } # Isoleucine
43  elsif ( $codon =~ /ATG/i ) { return 'M' } # Methionine
44  elsif ( $codon =~ /ACA/i ) { return 'T' } # Threonine
45  elsif ( $codon =~ /ACC/i ) { return 'T' } # Threonine
46  elsif ( $codon =~ /ACG/i ) { return 'T' } # Threonine
47  elsif ( $codon =~ /ACT/i ) { return 'T' } # Threonine
48  elsif ( $codon =~ /AAC/i ) { return 'N' } # Asparagine
49  elsif ( $codon =~ /AAT/i ) { return 'N' } # Asparagine
50  elsif ( $codon =~ /AAA/i ) { return 'K' } # Lysine
51  elsif ( $codon =~ /AAG/i ) { return 'K' } # Lysine
```



# 遗传密码 | 密码子翻译

```
52  elsif ( $codon =~ /AGC/i ) { return 'S' } # Serine
53  elsif ( $codon =~ /AGT/i ) { return 'S' } # Serine
54  elsif ( $codon =~ /AGA/i ) { return 'R' } # Arginine
55  elsif ( $codon =~ /AGG/i ) { return 'R' } # Arginine
56  elsif ( $codon =~ /GTA/i ) { return 'V' } # Valine
57  elsif ( $codon =~ /GTC/i ) { return 'V' } # Valine
58  elsif ( $codon =~ /GTG/i ) { return 'V' } # Valine
59  elsif ( $codon =~ /GTT/i ) { return 'V' } # Valine
60  elsif ( $codon =~ /GCA/i ) { return 'A' } # Alanine
61  elsif ( $codon =~ /GCC/i ) { return 'A' } # Alanine
62  elsif ( $codon =~ /GCG/i ) { return 'A' } # Alanine
63  elsif ( $codon =~ /GCT/i ) { return 'A' } # Alanine
64  elsif ( $codon =~ /GAC/i ) { return 'D' } # Aspartic
     Acid
65  elsif ( $codon =~ /GAT/i ) { return 'D' } # Aspartic
     Acid
```

# 遗传密码 | 密码子翻译

```
66  elsif ( $codon =~ /GAA/i ) { return 'E' } # Glutamic  
Acid  
67  elsif ( $codon =~ /GAG/i ) { return 'E' } # Glutamic  
Acid  
68  elsif ( $codon =~ /GGA/i ) { return 'G' } # Glycine  
69  elsif ( $codon =~ /GGC/i ) { return 'G' } # Glycine  
70  elsif ( $codon =~ /GGG/i ) { return 'G' } # Glycine  
71  elsif ( $codon =~ /GGT/i ) { return 'G' } # Glycine  
72  else {  
73      print STDERR "Bad codon \"$codon\"!!\n";  
74      exit;  
75  }  
76 }
```



## 优点

- 代码清晰简单
- 排版布局美观
- 两者相得益彰，使整个翻译过程一目了然

## 缺点

- 大量的字符串比较
- 运行起来耗费时间



## 优点

- 代码清晰简单
- 排版布局美观
- 两者相得益彰，使整个翻译过程一目了然

## 缺点

- 大量的字符串比较
- 运行起来耗费时间



## STDIN

- 标准输入（默认键盘）

## STDOUT

- 标准输出（默认屏幕）
- print 默认使用 STDOUT
- print 可以使用一个文件句柄作为可选的参数

## STDERR

- 标准错误输出（默认屏幕）



## STDIN

- 标准输入（默认键盘）

## STDOUT

- 标准输出（默认屏幕）
- print 默认使用 STDOUT
- print 可以使用一个文件句柄作为可选的参数

## STDERR

- 标准错误输出（默认屏幕）



## STDIN

- 标准输入（默认键盘）

## STDOUT

- 标准输出（默认屏幕）
- print 默认使用 STDOUT
- print 可以使用一个文件句柄作为可选的参数

## STDERR

- 标准错误输出（默认屏幕）



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 遗传密码 | 冗余性

## 碱基

$$4 = A + C + G + T/U$$

## 氨基酸

$$21 = 20(\text{氨基酸}) + 1(\text{起始, 同 M}) + 1(\text{终止})$$

## 密码子

- 每 3 个碱基组成一个密码子
- 一个密码子编码一种氨基酸
- $4 \times 4 \times 4 = 64 > 21$



# 遗传密码 | 冗余性

## 碱基

$$4 = A + C + G + T/U$$

## 氨基酸

$$21 = 20(\text{氨基酸}) + 1(\text{起始, 同 M}) + 1(\text{终止})$$

## 密码子

- 每 3 个碱基组成一个密码子
- 一个密码子编码一种氨基酸
- $4 \times 4 \times 4 = 64 > 21$



# 遗传密码 | 冗余性

## 碱基

$$4 = A + C + G + T/U$$

## 氨基酸

$$21 = 20(\text{氨基酸}) + 1(\text{起始, 同 M}) + 1(\text{终止})$$

## 密码子

- 每 3 个碱基组成一个密码子
- 一个密码子编码一种氨基酸
- $4 \times 4 \times 4 = 64 > 21$



# 遗传密码 | 冗余性

nonpolar polar basic acidic (stop codon)

Standard genetic code

1st base	2nd base								3rd base		
	U		C		A		G				
U	UUU	(Phe/F) Phenylalanine		UCU	(Ser/S) Serine	UAU	(Tyr/Y) Tyrosine		UGU	(Cys/C) Cysteine	
	UUC			UCC		UAC			UGC		
	UUA			UCA		UAA	Stop (Ochre)		UGA	Stop (Opal)	
	UUG			UCG		UAG	Stop (Amber)		UGG	(Trp/W) Tryptophan	
C	CUU	(Leu/L) Leucine	CCU	(Pro/P) Proline	CAU	(His/H) Histidine		CGU	(Arg/R) Arginine		
	CUC		CCC		CAC			CGC			
	CUA		CCA		CAA	(Gln/Q) Glutamine		CGA			
	CUG		CCG		CAG			CGG			
A	AUU	(Ile/I) Isoleucine	ACU	(Thr/T) Threonine	AAU	(Asn/N) Asparagine		AGU	(Ser/S) Serine		
	AUC		ACC		AAC			AGC			
	AUA		ACA		AAA	(Lys/K) Lysine		AGA	(Arg/R) Arginine		
	AUG <sup>[A]</sup>		(Met/M) Methionine		AAG			AGG			
G	GUU	(Val/V) Valine	GCU	(Ala/A) Alanine	GAU	(Asp/D) Aspartic acid		GGU	(Gly/G) Glycine		
	GUC		GCC		GAC			GGC			
	GUА		GCA		GAA	(Glu/E) Glutamic acid		GGA			
	GUG		GCG		GAG			GGG			



# 遗传密码 | 冗余性

Inverse table (compressed using IUPAC notation)

Amino acid	Codons	Compressed	Amino acid	Codons	Compressed
Ala/A	GCU, GCC, GCA, GCG	GCN	Leu/L	UUA, UUG, CUU, CUC, CUA, CUG	YUR, CUN
Arg/R	CGU, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG	CGN, MGR	Lys/K	AAA, AAG	AAR
Asn/N	AAU, AAC	AAY	Met/M	AUG	
Asp/D	GAU, GAC	GAY	Phe/F	UUU, UUC	UUY
Cys/C	UGU, UGC	UGY	Pro/P	CCU, CCC, CCA, CCG	CCN
Gln/Q	CAA, CAG	CAR	Ser/S	UCU, UCC, UCA, UCG, AGU, AGC	UCN, AGY
Glu/E	GAA, GAG	GAR	Thr/T	ACU, ACC, ACA, ACG	ACN
Gly/G	GGU, GGC, GGA, GGG	GGN	Trp/W	UGG	
His/H	CAU, CAC	CAY	Tyr/Y	UAU, UAC	UAY
Ile/I	AUU, AUC, AUA	AUH	Val/V	GUU, GUC, GUA, GUG	GUN
START	AUG		STOP	UAA, UGA, UAG	UAR, URA



# 遗传密码 | 冗余性

```
1 # codon2aa
2 #
3 # A subroutine to translate a DNA 3-character codon to an amino
4 # acid
5 #
6 sub codon2aa {
7     my($codon) = @_;
8
9     if ( $codon =~ /GC./i ) { return 'A' } # Alanine
10    elsif ( $codon =~ /TG[TC]/i ) { return 'C' } # Cysteine
11    elsif ( $codon =~ /GA[TC]/i ) { return 'D' } # Aspartic Acid
12    elsif ( $codon =~ /GA[AG]/i ) { return 'E' } # Glutamic Acid
13    elsif ( $codon =~ /TT[TC]/i ) { return 'F' } # Phenylalanine
14    elsif ( $codon =~ /GG./i ) { return 'G' } # Glycine
15    elsif ( $codon =~ /CA[TC]/i ) { return 'H' } # Histidine
16    elsif ( $codon =~ /AT[TCA]/i ) { return 'I' } # Isoleucine
17    elsif ( $codon =~ /AA[AG]/i ) { return 'K' } # Lysine
18    elsif ( $codon =~ /TT[AG]|CT./i ) { return 'L' } # Leucine
19    elsif ( $codon =~ /ATG/i ) { return 'M' } # Methionine
20    elsif ( $codon =~ /AA[TC]/i ) { return 'N' } # Asparagine
```



# 遗传密码 | 冗余性

```
21  elsif ( $codon =~ /CC./i ) { return 'P' } # Proline
22  elsif ( $codon =~ /CA[AG]/i ) { return 'Q' } # Glutamine
23  elsif ( $codon =~ /CG.|AG[AG]/i ) { return 'R' } # Arginine
24  elsif ( $codon =~ /TC.|AG[TC]/i ) { return 'S' } # Serine
25  elsif ( $codon =~ /AC./i ) { return 'T' } # Threonine
26  elsif ( $codon =~ /GT./i ) { return 'V' } # Valine
27  elsif ( $codon =~ /TGG/i ) { return 'W' } # Tryptophan
28  elsif ( $codon =~ /TA[TC]/i ) { return 'Y' } # Tyrosine
29  elsif ( $codon =~ /TA[AG]|TGA/i ) { return '_' } # Stop
30  else {
31      print STDERR "Bad codon \"$codon\"!!\n";
32      exit;
33  }
34 }
```



## 优势

- 使用正则表达式展示了遗传密码的冗余性
- 氨基酸的单字母代码是按照字母顺序排列的

## 正则表达式

- `/ [TC] /`: 匹配 T 或者 C
- `/ . /`: 匹配换行符以外的任意一个字符 (此处为 ACGT)
- `/T/i`: 不区分大小写, 匹配 T 或者 t
- `/TC.|AG[TC]/`: 匹配 `/TC./` 或者 `/AG[TC]/`
- `/TA[AG]|TGA/`: 等同于 `/T(A[AG]|GA)/`



## 优势

- 使用正则表达式展示了遗传密码的冗余性
- 氨基酸的单字母代码是按照字母顺序排列的

## 正则表达式

- `/ [TC] /`: 匹配 T 或者 C
- `/ . /`: 匹配换行符以外的任意一个字符 (此处为 ACGT)
- `/T/i`: 不区分大小写, 匹配 T 或者 t
- `/TC.|AG[TC]/`: 匹配 `/TC.` 或者 `/AG[TC]`
- `/TA[AG]|TGA/`: 等同于 `/T(A[AG]|GA)/`



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 遗传密码 | 散列

```
1 #
2 # codon2aa
3 #
4 # A subroutine to translate a DNA 3-character
5 # codon to an amino acid
6 #
7 sub codon2aa {
8     my($codon) = @_;
9
10    $codon = uc $codon;
```



# 遗传密码 | 散列

```
12 my(%genetic_code) = (
13
14     'TCA' => 'S',      # Serine
15     'TCC' => 'S',      # Serine
16     'TCG' => 'S',      # Serine
17     'TCT' => 'S',      # Serine
18     'TTC' => 'F',      # Phenylalanine
19     'TTT' => 'F',      # Phenylalanine
20     'TTA' => 'L',      # Leucine
21     'TTG' => 'L',      # Leucine
22     'TAC' => 'Y',      # Tyrosine
23     'TAT' => 'Y',      # Tyrosine
24     'TAA' => '—',      # Stop
25     'TAG' => '—',      # Stop
```



# 遗传密码 | 散列

```
26 'TGC' => 'C',      # Cysteine
27 'TGT' => 'C',      # Cysteine
28 'TGA' => ' ',       # Stop
29 'TGG' => 'W',       # Tryptophan
30 'CTA' => 'L',       # Leucine
31 'CTC' => 'L',       # Leucine
32 'CTG' => 'L',       # Leucine
33 'CTT' => 'L',       # Leucine
34 'CCA' => 'P',       # Proline
35 'CCC' => 'P',       # Proline
36 'CCG' => 'P',       # Proline
37 'CCT' => 'P',       # Proline
38 'CAC' => 'H',       # Histidine
39 'CAT' => 'H',       # Histidine
40 'CAA' => 'Q',       # Glutamine
41 'CAG' => 'Q',       # Glutamine
42 'CGA' => 'R',       # Arginine
43 'CGC' => 'R',       # Arginine
44 'CGG' => 'R',       # Arginine
45 'CGT' => 'R',       # Arginine
```

# 遗传密码 | 散列

```
46 'ATA' => 'I',      # Isoleucine
47 'ATC' => 'I',      # Isoleucine
48 'ATT' => 'I',      # Isoleucine
49 'ATG' => 'M',      # Methionine
50 'ACA' => 'T',      # Threonine
51 'ACC' => 'T',      # Threonine
52 'ACG' => 'T',      # Threonine
53 'ACT' => 'T',      # Threonine
54 'AAC' => 'N',      # Asparagine
55 'AAT' => 'N',      # Asparagine
56 'AAA' => 'K',      # Lysine
57 'AAG' => 'K',      # Lysine
58 'AGC' => 'S',      # Serine
59 'AGT' => 'S',      # Serine
60 'AGA' => 'R',      # Arginine
61 'AGG' => 'R',      # Arginine
62 'GTA' => 'V',      # Valine
63 'GTC' => 'V',      # Valine
64 'GTG' => 'V',      # Valine
65 'GTT' => 'V',      # Valine
```

# 遗传密码 | 散列

```
66  'GCA' => 'A',      # Alanine
67  'GCC' => 'A',      # Alanine
68  'GCG' => 'A',      # Alanine
69  'GCT' => 'A',      # Alanine
70  'GAC' => 'D',      # Aspartic Acid
71  'GAT' => 'D',      # Aspartic Acid
72  'GAA' => 'E',      # Glutamic Acid
73  'GAG' => 'E',      # Glutamic Acid
74  'GGA' => 'G',      # Glycine
75  'GGC' => 'G',      # Glycine
76  'GGG' => 'G',      # Glycine
77  'GGT' => 'G',      # Glycine
78 );
79
80 if(exists $genetic_code{$codon}) {
81     return $genetic_code{$codon};
82 }else{
83     print STDERR "Bad codon \"$codon\"!!\n";
84     exit;
85 }
```



## 代码解释

- uc \$codon: 把输入的参数转换为大写（子程序就可以同时处理大小写了）
- exists \$genetic\_code{\$condon}: 散列中存在 \$codon 这个键就返回 true, 否则返回 false

## 补充说明

- 散列的键必须是简单的标量值，不能使用正则表达式，不能使用字符集
- 使用子程序（做成“黑盒子”）对程序进行模块化组织
- 把 codon2aa 这个子程序放到 BeginPerlBioinfo.pm 模块文件中备用

## 代码解释

- `uc $codon`: 把输入的参数转换为大写（子程序就可以同时处理大小写了）
- `exists $genetic_code{$condon}`: 散列中存在 \$codon 这个键就返回 true, 否则返回 false

## 补充说明

- 散列的键必须是简单的标量值，不能使用正则表达式，不能使用字符集
- 使用子程序（做成“黑盒子”）对程序进行模块化组织
- 把 `codon2aa` 这个子程序放到 `BeginPerlBioinfo.pm` 模块文件中备用

# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

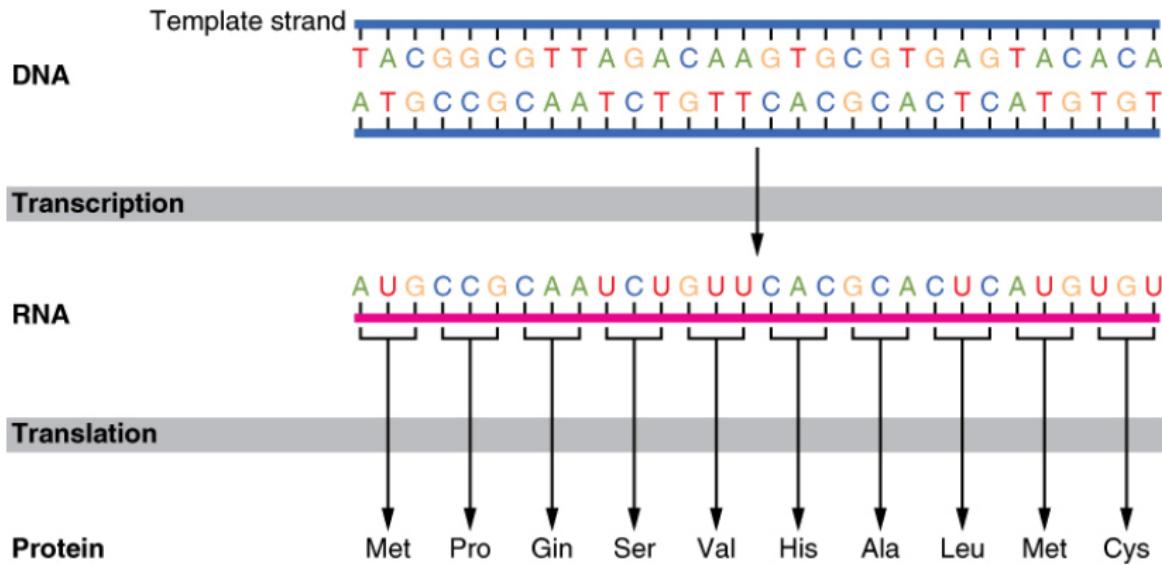
- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# DNA 翻译成蛋白质 | 目的

## 目的

使用子程序 codon2aa 把整个 DNA 序列翻译成蛋白质。



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.1.1

```
1 #!/usr/bin/perl -w
2 # Example 8-1      Translate DNA into protein
3
4 use strict;
5 use warnings;
6 use Bio::Perl::Bioinfo;          # see Chapter 6
7                         about this module
8
9 # Initialize variables
10 my $dna = '
11             CGACGTCTCGTACGGGACTAGCTCGTGTGGTCGC';
12 my $protein = '';
13 my $codon;
```



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.1.2

```
13 # Translate each three-base codon into an
   amino acid, and append to a protein
14 for(my $i=0; $i < (length($dna) - 2) ; $i +=
   3) {
15     $codon = substr($dna,$i,3);
16     $protein .= codon2aa($codon);
17 }
18
19 print "I translated the DNA\n\n$dna\n\n into
   the protein\n\n$protein\n\n";
20
21 exit;
```



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.1 | 输出

```
1 I translated the DNA
2
3 CGACGTCTCGTACGGGACTAGCTCGTGTGGTCGC
4
5 into the protein
6
7 RRLRTGLARVGR
```



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.1 | 循环

```
1 for (my $i = 0; $i < (length($dna) - 2); $i  
    += 3) {
```

## 解释

- my \$i=0: 初始化计数器，限定作用域
- \$i<(length(\$dna)-2): 判断是否继续翻译，密码子长度为 3, DNA 序列长 length, 其中的碱基索引从 0 到 length-1
- \$i+=3: 计数器递增，一次处理 3 个碱基



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.1 | 循环

```
1 for (my $i = 0; $i < (length($dna) - 2); $i  
    += 3) {
```

## 解释

- my \$i=0: 初始化计数器，限定作用域
- \$i<(length(\$dna)-2): 判断是否继续翻译，密码子长度为 3, DNA 序列长 length, 其中的碱基索引从 0 到 length-1
- \$i+=3: 计数器递增，一次处理 3 个碱基



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.1 | 提取密码子

```
1 $codon = substr ($dna, $i, 3);
```

## 解释

- 从字符串 \$dna 的位置 \$i 开始向后提取 3 个字符
- 把提取的子字符串保存到变量 \$codon 中



```
1 $codon = substr ($dna, $i, 3);
```

## 解释

- 从字符串 \$dna 的位置 \$i 开始向后提取 3 个字符
- 把提取的子字符串保存到变量 \$codon 中



## 基本要求

- 输入：包含 DNA 的参数
- 返回：翻译后的肽链

## 问题简化

- 翻译整段 DNA (不需要提供指定起始和终止位点的参数)
- 移除不适合于子程序的 print 语句



## 基本要求

- 输入：包含 DNA 的参数
- 返回：翻译后的肽链

## 问题简化

- 翻译整段 DNA (不需要提供指定起始和终止位点的参数)
- 移除不适合于子程序的 print 语句



# DNA 翻译成蛋白质 | 子程序

```
1 # dna2peptide
2 #
3 # A subroutine to translate DNA sequence into
4 # a peptide
5
6
7 sub dna2peptide {
8
9     my ($dna) = @_;
10
11    use strict;
12    use warnings;
13    use BeginPerlBioinfo;      # see Chapter 6
14    about this module
```



# DNA 翻译成蛋白质 | 子程序

```
13 # Initialize variables
14 my $protein = '';
15
16 # Translate each three-base codon to an
17 # amino acid, and append to a protein
17 for(my $i=0; $i < (length($dna) - 2) ; $i
18 += 3) {
19     $protein .= codon2aa( substr($dna,$i,3));
20 }
21
22 return $protein;
22 }
```



## 易读 vs. 速度

- 使用 \$codon 中间变量：更加易读
- 不使用 \$codon 中间变量：避免字符串的复制，提高运行速度
- 当程序本身的易读性降低时，补充注释进行说明

## use

- 可以在子程序中使用 use 载入模块
- 子程序的 use 可以和主程序的 use 存在冗余
- Perl 只会载入模块一次
- 子程序中载入模块有一定的优势（主程序中没有载入这些模块时）



## 易读 vs. 速度

- 使用 \$codon 中间变量：更加易读
- 不使用 \$codon 中间变量：避免字符串的复制，提高运行速度
- 当程序本身的易读性降低时，补充注释进行说明

## use

- 可以在子程序中使用 use 载入模块
- 子程序的 use 可以和主程序的 use 存在冗余
- Perl 只会载入模块一次
- 子程序中载入模块有一定的优势（主程序中没有载入这些模块时）



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式

- Plain sequence format
- FASTA format
- GenBank format
- EMBL format
- GCG format
- GCG-RSF (rich sequence format)
- IG format



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式 | Plain

## Plain sequence format

A sequence in plain format may contain only IUPAC characters and spaces (no numbers!).

**Note:** A file in plain sequence format may only contain **one** sequence, while most other formats accept several sequences in one file.

An example sequence in plain format is:

```
ACAAGATGCCATTGTCCCCGGCCTCTGCTGCTGCTCTCCGGGGCACGGCCACCGCTGCCCTGCC  
CCTGGAGGGTGGCCCCACCGGCCGAGACAGCGAGCATATGCAGGAAGCGGCAGGAATAAGGAAAAGCAGC  
CTCCTGACTTCTCGCTTGGTGGTTGAGTGGACCTCCCAGGCCAGTGCCGGCCCTCATAGGAGAGG  
AAGCTCGGGAGGTGCCAGGCAGGAAGGCGCACCCCCCAGCAATCCGCGGCCGGACAGAATGCC  
CTGCAGGAACCTCTTCTGAAAGACCTTCCTCCTGCAAATAAACCTCACCCATGAATGCTCACGCAAG  
TTTAATTACAGACCTGAA
```



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式 | FASTA

## FASTA format

A sequence file in FASTA format can contain several sequences.

Each sequence in FASTA format begins with a single-line description, followed by lines of sequence data. The description line must begin with a greater-than (">") symbol in the first column.

An example sequence in FASTA format is:

```
>AB000263 |acc=AB000263|descr=Homo sapiens mRNA for prepro cortistatin like peptide, complete cds.|len=368
ACAAGATGCCATTGTCCTCCGGCCTCTGCTGCTGCTCTCGGGGCCACGGCCACCGCTGCCCTGCC
CCTGGAGGGTGGCCCCACCGGCCAGACAGCGCATATGCAGGAAGCGGCAGGAATAAGGAAAGCAGC
CTCCTGACTTTCTCGCTGGGTGGTTGAGTGGACCTCCCAGGCCAGTGCCGGGCCCTCATAGGAGAGG
AAGCTGGGAGGTGGCCAGGGCGCAGGAAGGCCACCCCCCCCAGCAATCCGCGCGCCGGGACAGAATGCC
CTGCAGGAACCTCTCTGGAAGACCTCTCCCTCTGCAAATAAACCTCACCATGAATGCTCACGCAAG
TTTAATTACAGACCTGAA
```



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式 | GenBank

## GenBank format

A sequence file in GenBank format can contain several sequences.

One sequence in GenBank format starts with a line containing the word LOCUS and a number of annotation lines. The start of the sequence is marked by a line containing "ORIGIN" and the end of the sequence is marked by two slashes ("//").

An example sequence in GenBank format is:

```
LOCUS      AB000263          368 bp      mRNA      linear      PRI 05-FEB-1999
DEFINITION Homo sapiens mRNA for prepro cortistatin like peptide, complete
cds.
ACCESSION  AB000263
ORIGIN
 1 acaagatgcc attgtccccc ggcctcctgc tgctgctgct ctccggggcc acggccaccc
 61 ctgcctgcc cctggagggt ggccccaccc gccgagacag cgagcatatg caggaagcg
121 caggaataag gaaaagcagc ctcctgactt tcctcgctt gttggtttag tggacctccc
181 aggccagtgc cggccccctc ataggagagg aagctcggga ggtggccagg cggcaggaag
241 ggcacccccc ccagcaatcc ggcgcggg acagaatgcc ctgcaggaac ttcttctgga
301 agaccttctc ctccctgcaaa taaaacctca cccatgaatg ctcacgcaag tttattaca
361 gacctgaa
//
```



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式 | EMBL

## EMBL format

A sequence file in EMBL format can contain several sequences.

One sequence entry starts with an identifier line ("ID"), followed by further annotation lines. The start of the sequence is marked by a line starting with "SQ" and the end of the sequence is marked by two slashes ("//").

An example sequence in EMBL format is:

```
ID  AB000263 standard; RNA; PRI; 368 BP.  
XX  
AC  AB000263;  
XX  
DE  Homo sapiens mRNA for prepro cortistatin like peptide, complete cds.  
XX  
SQ  Sequence 368 BP;  
acaagatgcc attgtccccc ggccctcctgc tgctgctgct ctccggggcc acggccaccc 60  
ctgccctgcc cctggagggt ggccccaccc gccgagacag cgagcatatg caggaagccg 120  
caggaataag gaaaagcagc ctccctgactt tcctcgcttg gtggtttgag tggacctccc 180  
aggccagtgc cggccccctc ataggagagg aagctcggga ggtggccagg cggcaggaag 240  
gcgcacccccc ccagcaatcc gcgcgcggg acagaatgcc ctgcaggaac ttcttctgg 300  
agaccttctc ctccctgcaaa taaaacctca cccatgaatg ctcacgcaag ttaattaca 360  
gacctgaa 368
```

//



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式 | GCG

## GCG format

A sequence file in GCG format contains exactly one sequence, begins with annotation lines and the start of the sequence is marked by a line ending with two dot ("..") characters. This line also contains the sequence identifier, the sequence length and a checksum. This format should only be used if the file was created with the GCG package.

An example sequence in GCG format is:

```
ID  AB000263 standard; RNA; PRI; 368 BP.  
XX  
AC  AB000263;  
XX  
DE  Homo sapiens mRNA for prepro cortistatin like peptide, complete cds.  
XX  
SQ  Sequence 368 BP;  
AB000263  Length: 368  Check: 4514 ..  
    1  acaagatgcc attgtcccc ggccttcgtc tgcgtgtgt ctccggggcc acggccacccg  
    61  ctgccctgcc cctggagggt ggccccaccg gcccggacacag cgagcatatg caggaagcg  
121  caggaataag gaaaagcagc ctcctgactt tcctcgcttg gtggttttag tggacacctcc  
181  aggccagtgc cggggccctc ataggagagg aagctcgaaa ggtggccagg cggcaggaaag  
241  gcgcacccccc ccagcaatcc ggcgcggg acagaatgcc ctgcaggAAC ttcttctgg  
301  agaccttctc ctccctgcaaa taaaaccta cccatgaatg ctcacgcaag tttaattaca  
361  gacctgaa
```



# 读取 FASTA 格式的 DNA | 序列格式 | IG

## IG format

A sequence file in IG format can contain several sequences, each consisting of a number of comment lines that must begin with a semicolon (";"), a line with the sequence name (it may not contain spaces!) and the sequence itself terminated with the termination character '1' for linear or '2' for circular sequences.

An example sequence in IG format is:

```
; comment
; comment
AB000263
ACAAGATGCCATTGTCCCCCGGCCCTGCTGCTGCTCTCCGGGGCACGGCCACCGCTGCCCTGCC
CCTGGAGGGTGGCCCCACCGGCCGAGACAGCGAGCATATGCAGGAAGCGGCAGGAATAAGGAAAAGCAGC
CTCCTGACTTCCTCGCTTGGTGGTTGAGTGGACCTCCCAGGCCAGTGCCGGCCCCCTCATAGGAGAGG
AAGCTCGGGAGGTGGCCAGGCAGGAAGGCGCACCCCCCAGCAATCCGCGCGCCGGGACAGAATGCC
CTGCAGGAACTTCTTCTGAAAGACCTCTCCTGCAAATAAACCTCACCCATGAATGCTCACGCAAG
TTAACATTACAGACCTGAA1
```



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



## 读取文件的两种策略

- ① 从打开的文件中一次读入一行，边读入、边处理
  - 大文件
  - 寻找小的信息片段
- ② 一次性把整个文件都读入到数组中，然后对数组进行操作
  - 中、小文件
  - 容易遍历整个数据进行操作



## 要求

- 输入：FASTA 文件的文件名参数
- 返回：FASTA 文件中的序列数据

## 思路

- 一个子程序：打开、读取 FASTA 文件并提取序列数据
- 两个子程序
  - 1 第一个子程序：打开并读取文件
  - 2 第二个子程序：提取序列数据



## 要求

- 输入：FASTA 文件的文件名参数
- 返回：FASTA 文件中的序列数据

## 思路

- 一个子程序：打开、读取 FASTA 文件并提取序列数据
- 两个子程序
  - ① 第一个子程序：打开并读取文件
  - ② 第二个子程序：提取序列数据



```
1 subroutine get data from a file
2
3     argument = filename
4
5     open file
6         if can't open, print error message and
7             exit
8
9     read in data and
10
11    return @data
12 }
```



# 读取 FASTA 文件 | 两个子程序 | 伪代码 | 提取序列

```
1 Subroutine extract sequence data from fasta file
2
3     argument = array of file data in fasta format
4
5         Discard all header lines
6             (and blank and comment lines for good measure)
7             If first character of first line is >, discard
8                 it
9
10            Read in the rest of the file, join in a scalar,
11                edit out nonsequence data
12
13    return sequence
14 }
```



如果文件不能被读取，可能的处理方法：

- 退出程序：比较极端
- 向用户询问文件名：人性化，不利于自动化
- 使用默认的文件：人性化，自动化
- 返回 false（空数组）：容易和空文件相混淆
- 其他处理方法：返回 undefined



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 读取 FASTA 文件 | 子程序

```
1 # get_file_data
2 # A subroutine to get data from a file given its
3 # filename
4
5 sub get_file_data {
6     my ($filename) = @_;
7     use strict;
8     use warnings;
9     # Initialize variables
10    my @filedata = ();
11    unless( open(GET_FILE_DATA, $filename) ) {
12        print STDERR "Cannot open file \"$filename\"\n\n";
13        exit;
14    }
15    @filedata = <GET_FILE_DATA>;
16    close GET_FILE_DATA;
17    return @filedata;
}
```



# 读取 FASTA 文件 | 子程序

```
31 # extract_sequence_from_fasta_data: A subroutine to
32 sub extract_sequence_from_fasta_data {
33     my (@fasta_file_data) = @_;
34     use strict; use warnings;
35     my $sequence = ''; # Declare and initialize variables
36     foreach my $line (@fasta_file_data) {
37         # discard blank line
38         if ($line =~ /^$/) { next;
39         # discard comment line
40     } elsif($line =~ /^#/){ next;
41         # discard fasta header line
42     } elsif($line =~ />/) { next;
43         # keep line, add to sequence string
44     } else { $sequence .= $line; }
45 }
46 # remove non-sequence data (in this case, whitespace)
47 # from $sequence string
48 $sequence =~ s/\s//g; return $sequence;
```



# 读取 FASTA 文件 | 子程序 | 说明

```
1 # 使用my声明循环中使用的变量
2 foreach my $line (@fasta_file_data) {
3
4 # 匹配只有/没有空白的空行
5 if ($line =~ /^$|^$/ ) {
6
7 # 匹配注释行
8 } elsif($line =~ /^#/) {
9
10 # 匹配FASTA标题行
11 } elsif($line =~ /^>/) {
12
13 # 删除空白字符 (含换行符)
14 $sequence =~ s/\s//g;
```



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

● 输出格式化的序列数据

- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



## 格式化序列数据

- 目的：把序列数据格式化成适当长度
- 输入：序列和行的长度两个参数
- 输出：按指定要求格式化后的序列数据



# 格式化序列数据 | 子程序

```
1 # print_sequence
2 # A subroutine to format and print sequence
3 # data
4
5 sub print_sequence {
6     my($sequence, $length) = @_;
7     use strict;
8     use warnings;
9     # Print sequence in lines of $length
10    for ( my $pos = 0 ; $pos < length($sequence)
11        ) ; $pos += $length ) {
12        print substr($sequence, $pos, $length), "
13        \n";
14    }
15 }
```



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序
- 7 阅读框
- 简介
- 翻译阅读框
- 8 回顾和总结
- 总结
- 思考题
- 9 扩展知识
- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 读取 FASTA 文件 | 程序 8.2.1

```
1 #!/usr/bin/perl -w
2 # Example 8-2 Read a fasta file and extract
   the sequence data
3
4 use strict;
5 use warnings;
6 use Bio::Perl::Bioinfo;          # see Chapter 6
   about this module
7
8 # Declare and initialize variables
9 my @file_data = ();
10 my $dna = '';
```



# 读取 FASTA 文件 | 程序 8.2.1

```
12 # Read in the contents of the file "sample.dna"
13 @file_data = get_file_data("sample.dna");
14
15 # Extract the sequence data from the contents
16 # of the file "sample.dna"
16 $dna = extract_sequence_from_fasta_data(
17     @file_data);
18
18 # Print the sequence in lines 25 characters
19 # long
19 print_sequence($dna, 25);
20
21 exit;
```



# 读取 FASTA 文件 | 程序 8.2 | 输出

```
1 agatggcgccgtgaggggtcttgg  
2 gggctctaggccggccacctactgg  
3 tttgcagcggagacgcacgcacatgggg  
4 cctgcgcataataggagtacgcgtgcct  
5 gggaggcgtgactagaagcggaagt  
6 ...  
7 ccaacagcagccacagccatcacag  
8 aagtttagggcgcatccgtgaagatg  
9 agggggcagtggcggtcatcaacagt  
10 caaggagcctcctgaggctacagcc  
11 acacctgagccactctcagatgagg  
12 accta
```



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.3.1

```
1 #!/usr/bin/perl -w
2 # Example 8-3 Read a fasta file and extract
3 # the DNA sequence data
4 # Translate it to protein and print it out in
5 # 25-character-long lines
6
7 use strict;
8 use warnings;
9 use BeginPerlBioinfo;          # see Chapter 6
10 # about this module
11
12 # Initialize variables
13 my @file_data = ();
14 my $dna = '';
15 my $protein = '';
```



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.3.1

```
13 # Read in the contents of the file "sample.dna"
14 @file_data = get_file_data("sample.dna");
15
16 # Extract the sequence data from the contents
17 # of the file "sample.dna"
17 $dna = extract_sequence_from_fasta_data(
18     @file_data);
19
19 # Translate the DNA to protein
20 $protein = dna2peptide($dna);
21
22 # Print the sequence in lines 25 characters
22 long
23 print_sequence($protein, 25);
24
```



# DNA 翻译成蛋白质 | 程序 8.3 | 输出

```
1 RWRR_GVLGALGRPPTGLQRRRRMG  
2 PAQ_EYAAWEA_LEAEVVVGAFATA  
3 WDAAEWSVQVRGSLAGVVRECAGSG  
4 DMEGDGSDPEPPDAGEDSKSENGEN  
5 APIYCICRKPDINCFMIGCDNCNEW  
6 FHGDCIRITEKMAKAIREWYCRECR  
7 EKDPKLEIRYRHKKSRERDGNERDS  
8 SEPRDEGGGRKRPVPDPDLQRRAKS  
9 GTGVGAMLARGSASP HKSSPQPLVA  
10 TPSQHHQQQQQQIKRSARMCGECEA  
11 CRRTEDCGHCDFCRDMKKFGGPNKI  
12 RQKCRLRQCQLRARESYKYFPSSLS  
13 PVTPSESLPRPRRPLPTQQQPQPSQ  
14 KLGRIREDEGAVASSTVKEPPEATA  
15 TPEPLSDEDL
```



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

● 简介

- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结

- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



阅读框架 (reading frame) 是指 RNA 或 DNA 中，一组连续且不重复的 3 核苷酸密码子。每一条 mRNA 共有 3 种可能的阅读框架，而双股的 DNA 则每股各 3 种，共 6 种阅读框架。

同一序列具有多种阅读框架的现象使重叠基因 (overlapping genes) 可能存在，已知常见于某些细菌与病毒。至于人类细胞中则较少见。



# 阅读框 | 阅读框架 | 6 种

+1 ATGGTCGTACCCGAATTGAAATCA  
start M V V P V L K S  
F +2 ATGGTCGTACCCGAATTGAAATCA  
W S Y P N stop  
+3 ATGGTCGTACCCGAATTGAAATCA  
G R T R I E I

Reading Orientation →

-1 TGATTTCAATTCTGGGTACGACCAT  
stop  
R -2 TGATTTCAATTCTGGGTACGACCAT  
D F N S G T T  
-3 TGATTTCAATTCTGGGTACGACCAT  
I S I R V R P



# 阅读框 | 开放阅读框

开放阅读框（open reading frame, ORF）是指在给定的阅读框架中，不包含终止密码子的一串序列。这段序列是生物个体的基因组中，可能作为蛋白质编码序列的部分。基因中的 ORF 包含并位于开始编码与终止编码之间。

由于一段 DNA 或 RNA 序列有多种不同读取方式，因此可能同时存在许多不同的开放阅读框架。

开放阅读框是判断 DNA 序列中存在基因的一个重要依据；基因识别程序需要进行开放阅读框的分析。



## 基本思想

- 一切高大上的问题/任务都是纸老虎

## 解决思路

- 四处寻找已经写好的、可以完成该任务的（子）程序/工具
- 充分利用自己收集的子程序库
  - 有哪些相关的子程序可以直接使用
  - 有哪些相关的子程序需要进行修改/扩展
  - 还缺少哪些子程序需要编写添加



## 基本思想

- 一切高大上的问题/任务都是纸老虎

## 解决思路

- 四处寻找已经写好的、可以完成该任务的（子）程序/工具
- 充分利用自己收集的子程序库
  - 有哪些相关的子程序可以直接使用
  - 有哪些相关的子程序需要进行修改/扩展
  - 还缺少哪些子程序需要编写添加



## 已有的子程序

- get\_file\_data: 打开读取文件
- extract\_sequence\_from\_fasta\_data: 提取 FASTA 文件中的序列
- dna2peptide: 把 DNA 翻译成多肽
  - codon2aa: 把密码子翻译成氨基酸
- print\_sequence: 输出格式化的序列

## 尚缺的子程序

- revcom: 计算反向互补序列
- translate\_frame: 翻译 DNA 的指定区间



## 已有的子程序

- get\_file\_data: 打开读取文件
- extract\_sequence\_from\_fasta\_data: 提取 FASTA 文件中的序列
- dna2peptide: 把 DNA 翻译成多肽
  - codon2aa: 把密码子翻译成氨基酸
- print\_sequence: 输出格式化的序列

## 尚缺的子程序

- revcom: 计算反向互补序列
- translate\_frame: 翻译 DNA 的指定区间



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 阅读框 | 翻译 | 反向互补 | 子程序

```
1 # revcom
2 # A subroutine to compute the reverse
   complement of DNA sequence
3 sub revcom {
4     my($dna) = @_;
5
6     # First reverse the sequence
7     my($revcom) = reverse($dna);
8
9     # Next, complement the sequence, dealing
10    with upper and lower case
11    # A->T, T->A, C->G, G->C
12    $revcom =~ tr/ACGTacgt/TGCATgca/;
13
14    return $revcom;
}
```



```
1 Given DNA sequence
2
3 subroutine translate_frame ( DNA, start, end )
4
5     return dna2peptide( substr( DNA, start, end - start +
6         1 ) )  
7 }
```

```
1 Given DNA sequence
2
3 subroutine translate_frame ( DNA, start, end )
4
5     # start and end are numbering the sequence from 1 to
6     # length
7     return dna2peptide( substr( DNA, start - 1, end -
8         start + 1 ) )  
9 }
```



```
1 Given DNA sequence
2
3 subroutine translate_frame ( DNA, start, end )
4
5     return dna2peptide( substr( DNA, start, end - start +
6         1 ) )
7 }
```

```
1 Given DNA sequence
2
3 subroutine translate_frame ( DNA, start, end )
4
5     # start and end are numbering the sequence from 1 to
6     # length
7     return dna2peptide( substr( DNA, start - 1, end -
8         start + 1 ) )
9 }
```



## 两种索引

- Perl 的处理方式：从 0 开始
- 生物学家的处理方式：从 1 开始

## 推荐策略

- 面向程序：以 0 起始的索引方式（计算简便）
- 面向用户：以 1 起始的索引方式（人性化）



## 两种索引

- Perl 的处理方式：从 0 开始
- 生物学家的处理方式：从 1 开始

## 推荐策略

- 面向程序：以 0 起始的索引方式（计算简便）
- 面向用户：以 1 起始的索引方式（人性化）



# 阅读框 | 翻译 | 指定区间 | 子程序

```
1 # translate_frame
2 # A subroutine to translate a frame of DNA
3
4 sub translate_frame {
5     my ($seq, $start, $end) = @_;
6     #my $protein;
7
8     # To make the subroutine easier to use, you won't need
9     # to specify the end point--it will just go to the end
10    # of the sequence by default.
11    unless ($end) {
12        $end = length($seq);
13    }
14
15    # Finally, calculate and return the translation
16    return dna2peptide ( substr ( $seq, $start - 1, $end -
$start + 1 ) );
17}
```



## 阅读框 | 翻译 | 程序 8.4.1

```
1 #!/usr/bin/perl -w
2 # Example 8-4      Translate a DNA sequence in
3 #                  all six reading frames
4
5 use strict;
6 use warnings;
7 use Bio::Perl::Bioinfo;          # see Chapter 6
8 # Initialize variables
9 my @file_data = ();
10 my $dna = '';
11 my $revcom = '';
12 my $protein = '';
```



## 阅读框 | 翻译 | 程序 8.4.2

```
14 # Read in the contents of the file "sample.dna"
15 @file_data = get_file_data("sample.dna");
16
17 # Extract the sequence data from the contents of
18 # the file "sample.dna"
19 $dna = extract_sequence_from_fasta_data(@file_data
20 );
21
22 # Translate the DNA to protein in six reading
23 # frames
24 # and print the protein in lines 70 characters
25 # long
26 print "\n -----Reading Frame 1-----\n\n";
27 $protein = translate_frame($dna, 1);
28 print_sequence($protein, 70);
```



## 阅读框 | 翻译 | 程序 8.4.3

```
26 print "\n -----Reading Frame 2-----\n\n"
      ;
27 $protein = translate_frame($dna, 2);
28 print_sequence($protein, 70);
29
30 print "\n -----Reading Frame 3-----\n\n"
      ;
31 $protein = translate_frame($dna, 3);
32 print_sequence($protein, 70);
```



## 阅读框 | 翻译 | 程序 8.4.4

```
34 # Calculate reverse complement
35 $revcom = revcom($dna);
36
37 print "\n -----Reading Frame 4-----\n\n";
38 $protein = translate_frame($revcom, 1);
39 print_sequence($protein, 70);
40
41 print "\n -----Reading Frame 5-----\n\n";
42 $protein = translate_frame($revcom, 2);
43 print_sequence($protein, 70);
44
45 print "\n -----Reading Frame 6-----\n\n";
46 $protein = translate_frame($revcom, 3);
47 print_sequence($protein, 70);
48
49 exit;
```



# 阅读框 | 翻译 | 程序 8.4 | 输出

```
1 -----Reading Frame 1-----
2
3 RWRR_GVLGALGRPPTGLQRRRRMGPAA_EYAAWEA_LEAEVVVGAFATAWDAAEWSVQVRGSLAGVRE
4 CAGSGDMEGDGSDEPPDAGEDSKSENGENAPIYCICRKPDINCFMIGCDNCNEWFHGDCIRITEKMAKA
5 IREWYCRECREKDPKLEIYRHKKSRERDGNERDSSEPRDEGGGRKRPVPDPDLQRRAAGSGTGVGAMLAR
6 GSASPHKSSPQPLVATPSQHHQQQQQQIKRSARMCECEACRRTEDCGHCDFCRDMKKFGGPNKIRQKCR
7 LRCQCLRARESYKFPSLSPVTPSESPLPRRPLPTQQQPQPSQKLGRIREDEGAVASSTVKEPPEATA
8 TPEPLSDEDL
9
10 ...
11
12 -----Reading Frame 6-----
13
14 GPHLRVAQVWL_PQEAP_LLMTPLPPHLHGCALTSVMAVAAGWAVAGGALAGTLRASLVRARKGSTCTI
15 PGPAAAGTGAAGTSAGSCWGPRTSSCPDRNHSDDHSPQCADMPTHHTCGLTV_SAAAAAGDAGWVWPPRAA
16 ERICGAKQSPEQAWPQPLSLTPGAAGLDQGQASCALHPHPGAHCPCAHCHPAPVTSCADSES LAWGLSL
17 CTPDSTTPGWPWPSSQ_SGCSPHGTTHCSCHTRS_SS_CPVCGRCSRWAHSRSHSRTCCPFRHLEALGLNH
18 LPPYLRSSRRTSPRPPPATREPAQTTRRRPRLQRRPQLLVTPPRQRTPIAQAPCVVSAANQ_VAGLE
19 PPRPLSAAI
```



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



## 知识点

- 散列：键，值，初始化，检查定义/存在，排序，……
- Perl 中的数据类型：标量变量，数组，散列
- 正则表达式：元字符，字符集，修饰符，择一匹配
- 序列格式：plain, FASTA, GenBank, EMBL, ……
- Perl 读取文件：两种策略，读取失败的处理方法
- 阅读框：6 种框架，开放阅读框
- 其他：数据结构，比较排序，文件句柄，循环，子字符串提取，索引，……

## 技能

- 熟练使用 Perl 中的散列
- 熟练使用 Perl 读取文件
- 能编写把 DNA 翻译成蛋白质的 Perl 程序

## 知识点

- 散列：键，值，初始化，检查定义/存在，排序，……
- Perl 中的数据类型：标量变量，数组，散列
- 正则表达式：元字符，字符集，修饰符，择一匹配
- 序列格式：plain, FASTA, GenBank, EMBL, ……
- Perl 读取文件：两种策略，读取失败的处理方法
- 阅读框：6 种框架，开放阅读框
- 其他：数据结构，比较排序，文件句柄，循环，子字符串提取，索引，……

## 技能

- 熟练使用 Perl 中的散列
- 熟练使用 Perl 读取文件
- 能编写把 DNA 翻译成蛋白质的 Perl 程序

# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



- ① 比较 Perl 的三种常见数据类型。
- ② 如何获取散列中的所有键/值？
- ③ 如何对字符串/数字进行正序/逆序的排序？
- ④ 举例说明不同任务下数据结构的选择。
- ⑤ 如何使用正则表达式表征密码子？
- ⑥ 列举并举例说明常见的序列格式。
- ⑦ 比较读取文件的两种策略。
- ⑧ 举例说明 6 种阅读框。
- ⑨ 比较两种不同的索引方式。
- ⑩ 举例说明子程序的使用。



# 下节预告

## 计算机

回顾正则表达式的相关知识：元字符，字符集，量词，修饰符，……

## 生物学

回顾限制性核酸内切酶的相关知识：定义，分类，特点，……



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



- arrays of arrays, 数组的数组
- hashes of arrays, 散列的元素为数组
- arrays of hashes, 数组的元素为散列
- hashes of hashes, 散列的元素为散列
- more elaborate constructs, 更复杂的结构



```
1 @AoA = (
2     [ "fred", "barney" ],
3     [ "george", "jane", "elroy" ],
4     [ "homer", "marge", "bart" ],
5 );
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 数组的数组 | 生成

```
1 # reading from file
2 while ( <> ) {
3     push @AoA, [ split ];
4 }
5 # calling a function
6 for $i ( 1 .. 10 ) {
7     $AoA[$i] = [ somefunc($i) ];
8 }
9 # using temp vars
10 for $i ( 1 .. 10 ) {
11     @tmp = somefunc($i);
12     $AoA[$i] = [ @tmp ];
13 }
14 # add to an existing row
15 push @{ $AoA[0] }, "wilma", "betty";
```



```
1 # one element  
2 $AoA[0][0] = "Fred";  
3  
4 # another element  
5 $AoA[1][1] =~ s/(\w)/\u$1/;
```



```
1 # print the whole thing with refs
2 for $aref ( @AoA ) {
3     print "\t [ @{$aref } ],\n";
4 }
5 # print the whole thing with indices
6 for $i ( 0 .. $#AoA ) {
7     print "\t [ @{$AoA[$i]} ],\n";
8 }
9 # print the whole thing one at a time
10 for $i ( 0 .. $#AoA ) {
11     for $j ( 0 .. ${ $AoA[$i] } ) {
12         print "element $i $j is $AoA[$i][$j]\n";
13     }
14 }
```



```
1 %HoA = (
2   flintstones => [ "fred", "barney" ],
3   jetsons       => [ "george", "jane", "elroy"
4   ],
5   simpsons      => [ "homer", "marge", "bart"
6   ],
7 );
```



```
1 # reading from file
2 # flintstones: fred barney wilma dino
3 while ( <> ) {
4     next unless s/^(.*):\s*/;;
5     $HoA{$1} = [ split ];
6 }
7
8 # reading from file; more temps
9 # flintstones: fred barney wilma dino
10 while ( $line = <> ) {
11     ($who, $rest) = split /:\s*/, $line, 2;
12     @fields = split ' ', $rest;
13     $HoA{$who} = [ @fields ];
14 }
```



```
1 # calling a function that returns a list
2 for $group ( "simpsons", "jetsons", "
3   flintstones" ) {
4   $HoA{$group} = [ get_family($group) ];
5 }
6 # likewise, but using temps
7 for $group ( "simpsons", "jetsons", "
8   flintstones" ) {
9   @members = get_family($group);
10  $HoA{$group} = [ @members ];
11 }
12 # append new members to an existing family
13 push @{$HoA{"flintstones"}}, "wilma", "
14   betty";
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 散列的元素为数组 | 访问

```
1 # one element
2 $HoA{flintstones}[0] = "Fred";
3 # another element
4 $HoA{simpsons}[1] =~ s/(\w)/\u$1/;
5 # print the whole thing
6 foreach $family ( keys %HoA ) {
7     print "$family: @{$HoA{$family}} \n";
8 }
9 # print the whole thing with indices
10 foreach $family ( keys %HoA ) {
11     print "family: ";
12     foreach $i ( 0 .. $#{$HoA{$family}} ) {
13         print " $i = $HoA{$family}[$i]";
14     }
15     print "\n";
16 }
```



```
1 # print the whole thing sorted by number of
2 # members
3
4 foreach $family ( sort { @{$HoA{$b}} <=> @{$
5     HoA{$a}} } keys %HoA ) {
6     print "$family: @{$HoA{$family}}\n";
7 }
8
9 # print the whole thing sorted by number of
10 # members and name
11
12 foreach $family ( sort { @{$HoA{$b}} <=> @{$
13     HoA{$a}} || $a cmp $b } keys %HoA ) {
14     print "$family: ", join( ", ", sort @{$
15     HoA{$family}} ), "\n";
16 }
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 数组的元素为散列 | 声明

```
1 @AoH = (
2   {
3     Lead    => "fred",
4     Friend  => "barney",
5   },
6   {
7     Lead    => "george",
8     Wife    => "jane",
9     Son     => "elroy",
10  },
11  {
12    Lead    => "homer",
13    Wife    => "marge",
14    Son     => "bart",
15  },
16 );
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 数组的元素为散列 | 生成

```
1 # reading from file
2 # format: LEAD=fred FRIEND=barney
3 while ( <> ) {
4     $rec = {};
5     for $field ( split ) {
6         ($key, $value) = split /=/, $field;
7         $rec->{$key} = $value;
8     }
9     push @AoH, $rec;
10 }
11
12 # no temp
13 while ( <> ) {
14     push @AoH, { split /[\s+=]/ };
15 }
```



```
1 # calling a function that returns a key/
  value pair list, like
2 # "lead","fred","daughter","pebbles"
3 while ( %fields = getnextpairset() ) {
4     push @AoH, { %fields };
5 }
6
7 # likewise, but using no temp vars
8 while (<>) {
9     push @AoH, { parsepairs($_) };
10 }
11
12 # add key/value to an element
13 $AoH[0]{pet} = "dino";
14 $AoH[2]{pet} = "santa's little helper";
```



```
1 # one element
2 $AoH[0]{lead} = "fred";
3
4 # another element
5 $AoH[1]{lead} =~ s/(\w)/\u$1/;
```



```
1 # print the whole thing with refs
2 for $href ( @AoH ) {
3     print "{ ";
4     for $role ( keys %$href ) {
5         print "$role=$href->{$role} ";
6     }
7     print " } \n";
8 }
9 # print the whole thing with indices
10 for $i ( 0 .. $#AoH ) {
11     print "$i is { ";
12     for $role ( keys %{ $AoH[$i] } ) {
13         print "$role=$AoH[$i]{$role} ";
14     }
15     print " } \n";
16 }
```



```
1 # print the whole thing one at a time
2 for $i ( 0 .. $#AoH ) {
3     for $role ( keys %{ $AoH[$i] } ) {
4         print "element $i $role is $AoH[$i]{$role}
5             }\n";
6 }
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 散列的元素为散列 | 声明

```
1 %HoH = (
2   flintstones => {
3     lead      => "fred",
4     pal       => "barney",
5   },
6   jetsons    => {
7     lead      => "george",
8     wife      => "jane",
9     "his boy" => "elroy",
10  },
11  simpsons  => {
12    lead      => "homer",
13    wife      => "marge",
14    kid       => "bart",
15  },
16 );
```



```
1 # reading from file
2 # flintstones: lead=fred pal=barney wife=
  wilma pet=dino
3 while ( <> ) {
4   next unless s/^(.*):\s*/;;
5   $who = $1;
6   for $field ( split ) {
7     ($key, $value) = split /=/, $field;
8     $HoH{$who}{$key} = $value;
9   }
10 }
```



```
1 # reading from file; more temps
2 # flintstones: lead=fred pal=barney wife=
  wilma pet=dino
3 while ( <> ) {
4     next unless s/^.*?):\s*/;;
5     $who = $1;
6     $rec = {};
7     $HoH{$who} = $rec;
8     for $field ( split ) {
9         ($key, $value) = split /=/, $field;
10        $rec->{ $key } = $value;
11    }
12 }
```



```
1 # calling a function that returns a key,value  
  hash  
2 for $group ( "simpsons", "jetsons", "  
  flintstones" ) {  
3   $HoH{$group} = { get_family($group) };  
4 }  
5  
6 # likewise, but using temps  
7 for $group ( "simpsons", "jetsons", "  
  flintstones" ) {  
8   %members = get_family($group);  
9   $HoH{$group} = { %members };  
10 }
```



```
1 # append new members to an existing family
2 %new_folks = (
3     wife => "wilma",
4     pet   => "dino",
5 );
6
7 for $what (keys %new_folks) {
8     $HoH{flintstones}{$what} = $new_folks{$what}
9 }
```



```
1 # one element
2 $HoH{flintstones}{wife} = "wilma";
3
4 # another element
5 $HoH{simpsons}{lead} =~ s/(\w)/\u$1/;
```



```
1 # print the whole thing
2 foreach $family ( keys %HoH ) {
3     print "$family: { ";
4     for $role ( keys %{ $HoH{$family} } ) {
5         print "$role=$HoH{$family}{$role} ";
6     }
7     print " } \n";
8 }
```



```
1 # print the whole thing somewhat sorted
2 foreach $family ( sort keys %HoH ) {
3     print "$family: { ";
4     for $role ( sort keys %{ $HoH{$family} } )
5     ) {
6         print "$role=$HoH{$family}{$role} ";
7     }
8 }
```



```
1 # print the whole thing sorted by number of
2 # members
3
4 foreach $family ( sort { keys %{$HoH{$b}} } <=>
5   keys %{$HoH{$a}} } ) keys %HoH {
6   print "$family: { ";
7   for $role ( sort keys %{ $HoH{$family} } )
8     {
9       print "$role=$HoH{$family}{$role} ";
10      }
11    print " } \n";
```



```
1 # establish a sort order (rank) for each role
2 $i = 0;
3 for ( qw(lead wife son daughter pal pet) ) {
4     $rank{$_} = ++$i }
5 # now print the whole thing sorted by number
6 # of members
7 foreach $family ( sort { keys %{$HoH{$b}} <=> keys %{$HoH{$a}} } keys %HoH ) {
8     print "$family: { ";
9     # and print these according to rank order
10    for $role ( sort { $rank{$a} <= > $rank{$b} } keys %{$HoH{$family}} ) {
11        print "$role=$HoH{$family}{$role} ";
12    }
13    print " } \n";
14 }
```



```
1 $rec = {  
2     TEXT      => $string,  
3     SEQUENCE   => [ @old_values ],  
4     LOOKUP     => { %some_table },  
5     THATCODE   => \&some_function,  
6     THISCODE   => sub { $_[0] ** $_[1] },  
7     HANDLE     => \*STDOUT,  
8 };
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 更复杂的结构 | 声明

```
1 print $rec->{TEXT};  
2 print $rec->{SEQUENCE}[0];  
3 $last = pop @ { $rec->{SEQUENCE} };  
4 print $rec->{LOOKUP}{"key"};  
5 ($first_k, $first_v) = each %{ $rec->{LOOKUP} };  
6 $answer = $rec->{THATCODE}->($arg);  
7 $answer = $rec->{THISCODE}->($arg1, $arg2);  
8 # careful of extra block braces on fh ref  
9 print { $rec->{HANDLE} } "a string\n";  
10 use FileHandle;  
11 $rec->{HANDLE}->autoflush(1);  
12 $rec->{HANDLE}->print(" a string\n");
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 更复杂的结构 | 定义

```
1 %TV = (
2   flintstones => {
3     series      => "flintstones",
4     nights      => [ qw(monday thursday friday) ],
5     members     => [
6       { name => "fred", role => "lead", age => 36, },
7       { name => "wilma", role => "wife", age => 31, },
8       { name => "pebbles", role => "kid", age => 4, },
9     ],
10   },
11   jetsons      => {
12     series      => "jetsons",
13     nights      => [ qw(wednesday saturday) ],
14     members     => [
15       { name => "george", role => "lead", age => 41, },
16       { name => "jane", role => "wife", age => 39, },
17       { name => "elroy", role => "kid", age => 9, },
18     ],
19   },
20   simpsons    => {
```



```
1 # reading from file
2 # here's a piece by piece build up
3 $rec = {};
4 $rec->{series} = "flintstones";
5 $rec->{nights} = [ find_days() ];
6 @members = ();
7 # assume this file in field=value syntax
8 while (<>) {
9     %fields = split /[\s=]+/;
10    push @members, { %fields };
11 }
12 $rec->{members} = [ @members ];
13 # now remember the whole thing
14 $TV{ $rec->{series} } = $rec;
```



```
1 #
#####
# now, you might want to make interesting extra
# fields that
# include pointers back into the same data
# structure so if
# change one piece, it changes everywhere, like
# for example
# if you wanted a {kids} field that was a
# reference
# to an array of the kids' records without having
# duplicate
# records and thus update problems.
#
#####
```



```
1 foreach $family (keys %TV) {  
2     $rec = $TV{$family}; # temp pointer  
3     @kids = ();  
4     for $person ( @{ $rec->{members} } ) {  
5         if ($person->{role} =~ /kid|son|daughter  
/) {  
6             push @kids, $person;  
7         }  
8     }  
9     # REMEMBER: $rec and $TV{$family} point to  
same data!!  
10    $rec->{kids} = [ @kids ];  
11 }
```



```
1 # you copied the array, but the array itself  
2 # contains pointers  
3 # to uncopied objects. this means that if you  
4 # make bart get  
5 # older via  
6 $TV{$simpsons}{kids}[0]{age}++;  
7 # then this would also change in  
8 print $TV{$simpsons}{members}[2]{age};  
9 # because $TV{$simpsons}{kids}[0] and $TV{  
# simpsons}{members}[2]  
10 # both point to the same underlying anonymous  
# hash table
```



# 扩展知识 | 复杂数据结构 | 更复杂的结构 | 生成

```
1 # print the whole thing
2 foreach $family ( keys %TV ) {
3     print "the $family";
4     print " is on during @{ $TV{$family}{nights} } \n";
5     print "its members are:\n";
6     for $who ( @{ $TV{$family}{members} } ) {
7         print " $who->{name} ($who->{role}), age $who
8 ->{age}\n";
9     }
10    print "it turns out that $TV{$family}{lead} has
11    ";
12    print scalar ( @{ $TV{$family}{kids} } ), " kids
13    named ";
14    print join (", ", map { $_->{name} } @{ $TV{
15        $family}{kids} });
16    print "\n";
17 }
```



# 教学提纲

## 1 引言

## 2 散列

## 3 数据结构和算法

## 4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

## 5 DNA 翻译成蛋白质

## 6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

## 7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

## 8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

## 9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- **数据共享**
- 宽格式和长格式的数据



## What you should deliver to the statistician

For maximum speed in the analysis this is the information you should pass to a statistician:

- ① The raw data.
- ② A tidy data set
- ③ A code book describing each variable and its values in the tidy data set.
- ④ An explicit and exact recipe you used to go from 1 → 2,3



It is critical that you include the rawest form of the data that you have access to. Here are some examples of the raw form of data:

- The strange binary file your measurement machine spits out
- The unformatted Excel file with 10 worksheets the company you contracted with sent you
- The complicated JSON data you got from scraping the Twitter API
- The hand-entered numbers you collected looking through a microscope



You know the raw data is in the right format if you:

- ① Ran no software on the data
- ② Did not manipulate any of the numbers in the data
- ③ You did not remove any data from the data set
- ④ You did not summarize the data in any way



If you did any manipulation of the data at all it is not the raw form of the data. Reporting manipulated data as raw data is a very common way to slow down the analysis process, since the analyst will often have to do a forensic study of your data to figure out why the raw data looks weird.



The four general principles you should pay attention to are:

- ① Each **variable** you measure should be in one **column**
- ② Each different **observation** of that variable should be in a different **row**
- ③ There should be one **table** for each “**kind**” of variable
- ④ If you have multiple tables, they should include a column in the table that allows them to be **linked**



While these are the hard and fast rules, there are a number of other things that will make your data set much easier to handle. First is to include **a row at the top** of each data table/spreadsheet that contains **full variable names**. So if you measured age at diagnosis for patients, you would head that column with the name `AgeAtDiagnosis` instead of something like `ADx` or another abbreviation that may be hard for another person to understand.

If you are sharing your data with the collaborator in Excel, the tidy data should be in one Excel file per table. They should not have multiple worksheets, no macros should be applied to the data, and no columns/ cells should be highlighted. Alternatively share the data in a CSV or TAB-delimited text file.



Here is an example of how this would work from genomics. Suppose that for 20 people you have collected gene expression measurements with RNA-sequencing. You have also collected demographic and clinical information about the patients including their age, treatment, and diagnosis. You would have one table/spreadsheet that contains the clinical/demographic information. It would have four columns (patient id, age, treatment, diagnosis) and 21 rows (a row with variable names, then one row for every patient). You would also have one spreadsheet for the summarized genomic data. Usually this type of data is summarized at the level of the number of counts per exon. Suppose you have 100,000 exons, then you would have a table/spreadsheet that had 21 rows (a row for gene names, and one row for each patient) and 100,001 columns (one column for patient ids and one column for each data type).



# 扩展知识 | datasharing | tidy data

- ① Each variable forms a column (Each variable in the data set is placed in its own column)
- ② Each observation forms a row (Each observation is placed in its own row)
- ③ Each value is placed in its own cell
- ④ Each type of observational unit forms a table

country	year	cases	population
Afghanistan	2000	15	1507071
Afghanistan	2000	666	2095360
Brazil	1999	30737	17206362
Brazil	2000	80488	17404898
China	1999	210258	127215272
China	2000	210766	128012583

variables

country	year	cases	population
Afghanistan	2000	15	1507071
Afghanistan	2000	666	2095360
Brazil	1999	30737	17206362
Brazil	2000	80488	17404898
China	1999	210258	127215272
China	2000	210766	128012583

observations

country	year	cases	population
Afghanistan	2000	15	1507071
Afghanistan	2000	666	2095360
Brazil	1999	30737	17206362
Brazil	2000	80488	17404898
China	1999	210258	127215272
China	2000	210766	128012583

values



	treatmenta	treatmentb
John Smith	—	2
Jane Doe	16	11
Mary Johnson	3	1

	John Smith	Jane Doe	Mary Johnson
treatmenta	—	16	3
treatmentb	2	11	1

name	trt	result
John Smith	a	—
Jane Doe	a	16
Mary Johnson	a	3
John Smith	b	2
Jane Doe	b	11
Mary Johnson	b	1



# 扩展知识 | datasharing | tidy data | raw2tidy

country	year	m014	m1524	m2534	m3544	m4554	m5564	m65	mu	f014
AD	2000	0	0	1	0	0	0	0	—	—
AE	2000	2	4	4	6	5	12	10	—	3
AF	2000	52	228	183	149	129	94	80	—	93
AG	2000	0	0	0	0	0	0	1	—	1
AL	2000	2	19	21	14	24	19	16	—	3
AM	2000	2	152	130	131	63	26	21	—	1
AN	2000	0	0	1	2	0	0	0	—	0
AO	2000	186	999	1003	912	482	312	194	—	247
AR	2000	97	278	594	402	419	368	330	—	121
AS	2000	—	—	—	—	1	1	—	—	—



# 扩展知识 | datasharing | tidy data | raw2tidy

country	year	column	cases
AD	2000	m014	0
AD	2000	m1524	0
AD	2000	m2534	1
AD	2000	m3544	0
AD	2000	m4554	0
AD	2000	m5564	0
AD	2000	m65	0
AE	2000	m014	2
AE	2000	m1524	4
AE	2000	m2534	4
AE	2000	m3544	6
AE	2000	m4554	5
AE	2000	m5564	12
AE	2000	m65	10
AE	2000	f014	3

(a) Molten data

country	year	sex	age	cases
AD	2000	m	0-14	0
AD	2000	m	15-24	0
AD	2000	m	25-34	1
AD	2000	m	35-44	0
AD	2000	m	45-54	0
AD	2000	m	55-64	0
AD	2000	m	65+	0
AE	2000	m	0-14	2
AE	2000	m	15-24	4
AE	2000	m	25-34	4
AE	2000	m	35-44	6
AE	2000	m	45-54	5
AE	2000	m	55-64	12
AE	2000	m	65+	10
AE	2000	f	0-14	3

(b) Tidy data



For almost any data set, the measurements you calculate will need to be described in more detail than you will sneak into the spreadsheet. The code book contains this information. At minimum it should contain:

- ① Information about the variables (including units!) in the data set not contained in the tidy data
- ② Information about the summary choices you made
- ③ Information about the experimental study design you used

A common format for this document is a Word (or Markdown) file. There should be a section called “Study design” that has a thorough description of how you collected the data. There is a section called “Code book” that describes each variable and its units.



In our genomics example, the analyst would want to know what the unit of measurement for each clinical/demographic variable is (age in years, treatment by name/dose, level of diagnosis and how heterogeneous). They would also want to know how you picked the exons you used for summarizing the genomic data (UCSC/Ensembl, etc.). They would also want to know any other information about how you did the data collection/study design. For example, are these the first 20 patients that walked into the clinic? Are they 20 highly selected patients by some characteristic like age? Are they randomized to treatments?



When you put variables into a spreadsheet there are several main categories you will run into depending on their data type:

- ① Continuous
- ② Ordinal
- ③ Categorical
- ④ Missing
- ⑤ Censored

Continuous variables are anything measured on a quantitative scale that could be any fractional number. An example would be something like weight measured in kg. Ordinal data are data that have a fixed, small (< 100) number of levels but are ordered. This could be for example survey responses where the choices are: poor, fair, good.

Categorical data are data where there are multiple categories, but they aren't ordered. One example would be sex: male or female. Missing data are data that are missing and you don't know the mechanism. You should code missing values as NA. Censored data/make up/ throw away missing observations.



In general, try to avoid coding categorical or ordinal variables as numbers. When you enter the value for sex in the tidy data, it should be "male" or "female". The ordinal values in the data set should be "poor", "fair", and "good" not 1, 2 ,3. This will avoid potential mixups about which direction effects go and will help identify coding errors.

Always encode every piece of information about your observations using **text**. For example, if you are storing data in Excel and use a form of colored text or cell background formatting to indicate information about an observation ("red variable entries were observed in experiment 1.") then this information will not be exported (and will be lost!) when the data is exported as raw text. Every piece of data should be encoded as actual text that can be exported.



You may have heard this before, but reproducibility is kind of a big deal in computational science. That means, when you submit your paper, the reviewers and the rest of the world should be able to exactly replicate the analyses from raw data all the way to final results. If you are trying to be efficient, you will likely perform some summarization/ data analysis steps before the data can be considered tidy.

The ideal thing for you to do when performing summarization is to create a computer script (in R, Python, or something else) that takes the raw data as input and produces the tidy data you are sharing as output. You can try running your script a couple of times and see if the code produces the same output.



In many cases, the person who collected the data has incentive to make it tidy for a statistician to speed the process of collaboration. They may not know how to code in a scripting language. In that case, what you should provide the statistician is something called pseudocode. It should look something like:

- ① Step 1 - take the raw file, run version 3.1.2 of summarize software with parameters a=1, b=2, c=3
- ② Step 2 - run the software separately for each sample
- ③ Step 3 - take column three of outputfile.out for each sample and that is the corresponding row in the output data set

You should also include information about which **system** (Mac/Windows/Linux) you used the software on and whether you tried it more than once to confirm it gave the same results. Ideally, you will run this by a fellow student/labmate to confirm that they can obtain the same output file you did.



When you turn over a properly tidied data set it dramatically decreases the workload on the statistician. So hopefully they will get back to you much sooner. But most careful statisticians will check your recipe, ask questions about steps you performed, and try to confirm that they can obtain the same tidy data that you did with, at minimum, spot checks.



You should then expect from the statistician:

- ① An analysis script that performs each of the analyses (not just instructions)
- ② The exact computer code they used to run the analysis
- ③ All output files/figures they generated.

This is the information you will use in the supplement to establish reproducibility and precision of your results. Each of the steps in the analysis should be clearly explained and you should ask questions when you don't understand what the analyst did. It is the responsibility of both the statistician and the scientist to understand the statistical analysis. You may not be able to perform the exact analyses without the statistician's code, but you should be able to explain why the statistician performed each step to a labmate/your principal investigator.



# 教学提纲

1 引言

2 散列

3 数据结构和算法

4 遗传密码

- 密码子翻译成氨基酸
- 遗传密码的冗余性
- 使用散列表表示遗传密码

5 DNA 翻译成蛋白质

6 读取 FASTA 格式的 DNA

- 序列格式
- 读取 FASTA 文件的思路
- 读取 FASTA 文件的子程序

- 输出格式化的序列数据
- 读取 FASTA 文件的主程序
- DNA 翻译成蛋白质的主程序

7 阅读框

- 简介
- 翻译阅读框

8 回顾和总结

- 总结
- 思考题

9 扩展知识

- Perl 里面的复杂数据结构
- 数据共享
- 宽格式和长格式的数据



## wide-format

Wide data has a column for each variable.

## long-format

Long-format data has a column for possible variable types and a column for the values of those variables.

## wide vs. long

- It turns out that you need wide-format data for some types of data analysis and long-format data for others.
- In reality, you need long-format data much more commonly than wide-format data.
- But people often find it easier to record their data in wide format.

## wide-format

Wide data has a column for each variable.

## long-format

Long-format data has a column for possible variable types and a column for the values of those variables.

## wide vs. long

- It turns out that you need wide-format data for some types of data analysis and long-format data for others.
- In reality, you need long-format data much more commonly than wide-format data.
- But people often find it easier to record their data in wide format.

## wide-format

Wide data has a column for each variable.

## long-format

Long-format data has a column for possible variable types and a column for the values of those variables.

## wide vs. long

- It turns out that you need wide-format data for some types of data analysis and long-format data for others.
- In reality, you need long-format data much more commonly than wide-format data.
- But people often find it easier to record their data in wide format.

# 扩展知识 | data | wide vs. long

subject	sex	condition		measurement
		control	cond1	
1	M	control	7.9	12.3
	M	cond1	10.7	10.6
	M	cond2	11.1	9.5
	F	control	6.3	13.1
2	F	cond1	10.6	13.8
	F	cond2	11.1	11.5
	F	control	13.8	13.4
	M	cond1	12.9	11.5
subject	sex	control	cond1	cond2
1	M	7.9	12.3	10.7
2	F	6.3	10.6	11.1
3	F	9.5	13.1	13.8
4	M	11.5	13.4	12.9



# 扩展知识 | data | wide vs. long

gene	A1	A2	B1	B2
GENE_1	35.41	36.60	29.96	29.73
GENE_2	36.60	23.45	24.39	24.74
GENE_3	29.96	23.30	32.17	25.94
GENE_4	29.73	22.84	31.66	26.22
GENE_5	34.46	22.79	31.39	24.75
GENE_6	35.66	21.37	31.34	24.72
GENE_7	33.28	21.74	31.10	25.39
GENE_8	33.03	22.96	30.90	25.65
GENE_9	26.58	22.87	31.14	30.57
GENE_10	26.05	25.18	31.03	29.99
CONTROL	26.60	25.60	26.03	25.79

gene	sample_id	ct_value
GENE_1	A1	35.41
GENE_2	A1	36.60
GENE_3	A1	29.96
GENE_4	A1	29.73
GENE_5	A1	34.46
GENE_6	A1	35.66
GENE_7	A1	33.28
GENE_8	A1	33.03
GENE_9	A1	26.58
GENE_10	A1	26.05
CONTROL	A1	26.60
GENE_1	A2	36.60
GENE_2	A2	23.45
GENE_3	A2	22.30

# 扩展知识 | data | wide vs. long

```
dcast formula dcast(aql, month + day ~ variable, value.var = "value")
```

	ID variables (left side of formula)	Variable to swing into column names (right side of formula)	Values (value.var)
Long-format data	month	variable	value
	5	1	ozone
	5	2	ozone
	5	3	ozone
	5	4	ozone
	5	5	ozone
	5	6	ozone

	month	day	ozone	solar.r	wind	temp
Wide-format data	5	1	41	190	7.4	67
	5	2	36	118	8.0	72
	5	3	12	149	12.6	74
	5	4	18	313	11.5	62
	5	5	NA	NA	14.3	56
	5	6	28	NA	14.9	66



# 扩展知识 | data | wide2long

country	year	cases	country	1999	2000
Afghanistan	1999	745	Afghanistan	745	2666
Afghanistan	2000	2666	Brazil	37737	80488
Brazil	1999	37737	China	212258	213766
Brazil	2000	80488			
China	1999	212258			
China	2000	213766			

table4



# 扩展知识 | data | long2wide

country	year	key	value	country	year	cases	population
Afghanistan	1999	cases	745	Afghanistan	1999	745	19987071
Afghanistan	1999	population	19987071	Afghanistan	2000	2666	20595360
Afghanistan	2000	cases	2666	Brazil	1999	37737	172006362
Afghanistan	2000	population	20595360	Brazil	2000	80488	174504898
Brazil	1999	cases	37737	China	1999	212258	1272915272
Brazil	1999	population	172006362	China	2000	213766	1280428583
Brazil	2000	cases	80488				
Brazil	2000	population	174504898				
China	1999	cases	212258				
China	1999	population	1272915272				
China	2000	cases	213766				
China	2000	population	1280428583				



# Powered by



T<sub>E</sub>X L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X X<sub>E</sub>T<sub>E</sub>X Beamer