Introdução à Programação de Computadores para Biologia

Tipos de dados: Hashes

Aula 06a

https://tttorres.github.io/introprog2021/

TIPOS DE DADOS EM PERL

Variáveis

1. Escalares (\$):

```
my $variavel_escalar = 1;
my $cidade = "Sao Paulo";
my $sequencia = "ATCCTACTGTGCGTCAGGCTAAGCTA";
```

2. Arrays, vetores (@):

```
@genes = ("CG7856", "scpr-B", "CG4294", "Sgt", "CG42308");
```

3. Hashes, vetores associativos (%):

VETORES ("ARRAYS")

Problema: criar uma agenda de endereços

@agenda_nomes

Ahsoka Tano
Sabine Wren
Hera Syndulla
Asajj Ventress
Rey
Leia Organa
Bo-Katan Kryze
Jyn Erso

VETORES ("ARRAYS")

Problema: criar uma agenda de endereços

@agenda_enderecos

(C	Shili
-	1	Mandalore
	2	Ryloth
	3	Dathomir
4	4	Jakku
[5	Alderaan
•	6	Mandalore
-	7	Vallt

VETORES ("ARRAYS")

 @gene_names
 0 CG7856

 1 scpr-B

 2 CG4294

 3 Sgt

 4 CG42308

@gene_IDs
 0 FBgn0033056
 1 FBgn0037888
 2 FBgn0034742
 3 FBgn0032640
 4 FBgn0259204

genes-

C	G7856	ATAGCGCTAGCTGAGCTGAGCTGAGCT
	scpr-B	ATAGCGCTAGCTGAGCTGAGCTGAGCT
C	G4294	ATAGCGCTAGCTGAGCTAGCTGAGCA
	Sgt	ATAGCGCTAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGTATA
C	G42308	ATAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGCTATA
C	G15556	ATAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGCTATA
C	G7059	ATAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGCTATA
C	G9773	ATAGCGCTAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGT

%genes-

CG7856	ATAGCGCTAGCTGAGCTGAGCTGAGCT		
scpr-B	ATAGCGCTAGCTGAGCTGAGCTGAGCT		
CG4294	ATAGCGCTAGCTGAGCTGAGCTGAGCA		
Sgt	ATAGCGCTAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGTATA		
CG42308	ATAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGTATA		
CG15556	ATAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGTATA		
CG7059	ATAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGTATA		
CG9773	ATAGCGCTAGCTGAGCTAGCTGAGCTGAGT		

keys

value

Na prática

- 1. No Geany, File > New File.
- 2. File > Save as...
- 3. Gravar arquivo como hashes.pl
- 4. Copiar **exemplo1** da página da disciplina e substituir o nome dos genes.

Na prática

```
# exemplo16
#! /usr/bin/perl
# script para entender hashes
# criando o hash de genes
%genes = ("FBgn0033056", "CG7856",
          "FBgn0037888", "scpr-B",
          "FBgn0034742", "CG424",
          "FBgn0032640", "Sgt",
          "FBgn0259204", "CG42308",
          "FBgn0039821", "CG15556",
          "FBgn0038957", "CG7059",
          "FBgn0037609", "CG9773");
exit;
```

Na prática

```
# exemplo16
#! /usr/bin/perl
# script para entender hashes
# criando o hash de genes
genes = ("FBgn0033056", "CG7856", "FBgn0037888", "scpr-B",
"FBgn0034742", "CG424", "FBgn0032640", "Sgt", "FBgn0259204",
"CG42308", "FBgn0039821", "CG15556", "FBgn0038957", "CG7059",
"FBgn0037609", "CG9773");
exit;
```



Na prática

```
# exemplo16
#! /usr/bin/perl
# script para entender hashes
# criando o hash de genes
%genes = ("FBgn0033056" => "CG7856",
          "FBgn0037888" => "scpr-B",
          "FBgn0034742" => "CG424",
          "FBgn0032640" => "Sgt",
          "FBgn0259204" => "CG42308",
          "FBgn0039821" => "CG15556",
          "FBgn0038957" => "CG7059",
          "FBgn0037609" => "CG9773");
exit;
```

Acessando elementos individuais de um hash

```
# exemplo1
#! /usr/bin/perl
# script para entender hashes
# criando o hash de genes
%genes = ("FBgn0033056" => "CG7856",
          "FBgn0037888" => "scpr-B",
          "FBgn0034742" => "CG424",
          "FBgn0032640" => "Sgt",
          "FBgn0259204" => "CG42308",
          "FBgn0039821" => "CG15556",
          "FBgn0038957" => "CG7059",
          "FBgn0037609" => "CG9773");
exit;
```

Acessando elementos individuais de um hash

```
# criando o hash de genes
%genes = ("FBgn0033056" => "CG7856",
                                                               "FBgn0037888" => "scpr-B",
                                                                "FBgn0034742" => "CG424",
                                                                "FBgn0032640" => "Sgt",
                                                               "FBgn0259204" => "CG42308",
                                                               "FBgn0039821" => "CG15556",
                                                               "FBgn0038957" => "CG7059",
                                                                "FBgn0037609" => "CG9773");
# acessando elementos individuais do hash
sgene01 = sgenes{FBgn0033056};
quad = 
print "$gene01 e $gene02\n";
exit;
```

Criando uma nova entrada em um hash

```
# acessando elementos individuais do hash
$gene01 = $genes{FBgn0033056};
$gene02 = $genes{FBgn0037888};

print "$gene01 e $gene02\n";

exit;
```

Criando uma nova entrada em um hash

```
# acessando elementos individuais do hash
$gene01 = $genes{FBgn0033056};
$gene02 = $genes{FBgn0037888};

print "$gene01 e $gene02\n";

# criar uma nova entrada
$genes{"FBgn0051118"} = "RabX4";

exit;
```

Funções para a manipulação de hashes

Script: hashes.pl

Recuperando as chaves dos hashes

1. Função keys()

```
print "$gene01 e $gene02\n";

# criar uma nova entrada
$genes{"FBgn0051118"} = "RabX4";

# recuperar os IDs
@gene_IDs = keys(%genes);
exit;
```

Funções para a manipulação de hashes

Script: hashes.pl

Recuperando as chaves dos hashes

1. Função keys()

```
print "$gene01 e $gene02\n";

# criar uma nova entrada
$genes{"FBgn0051118"} = "RabX4";

# recuperar os IDs
@gene_IDs = keys(%genes);

print "@gene_IDs\n";
exit;
```

Funções para a manipulação de hashes

Script: hashes.pl

Recuperando os valores dos hashes

2. Função values()

```
# recuperar os IDs
@gene_IDs = keys(%genes);

print "@gene_IDs\n";

# recuperar os valores
@gene_values = values(%genes);

exit;
```

Funções para a manipulação de hashes

Script: hashes.pl

Recuperando os valores dos hashes

2. Função values()

```
# recuperar os IDs
@gene_IDs = keys(%genes);

print "@gene_IDs\n";

# recuperar os valores
@gene_values = values(%genes);

print "@gene_values\n";

exit;
```

Funções para a manipulação de arrays/hashes

Script: hashes.pl Ordenando arrays 3. Função sort()

```
# recuperar os valores
@gene_values = values(%genes);
print "@gene_values\n";
# recuperar os IDs em ordem alfabética
exit;
```

Funções para a manipulação de arrays/hashes

Script: hashes.pl Ordenando arrays 3. Função sort()

```
# recuperar os valores
@gene_values = values(%genes);

print "@gene_values\n";

# recuperar os IDs em ordem alfabética
@gene_IDs = sort(keys(%genes));

print "@gene_IDs\n";

exit;
```

Funções para a manipulação de arrays/hashes

Script: hashes.pl Ordenando arrays 4. Função reverse()

```
# recuperar os IDs em ordem alfabética
@gene_IDs = sort(keys(%genes));

print "@gene_IDs\n";

# o que faz a funcao reverse()
@gene_values_rev = reverse(@gene_values);

print "@gene_values_rev\n";

exit;
```

Problema: como encontrar valores específicos em um hash? Como imprimir elementos de um hash?