Docente: **Giorgio Valentini**
Istruttore: **Matteo Re**

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

C.d.l. Informatica

Bioinformatica

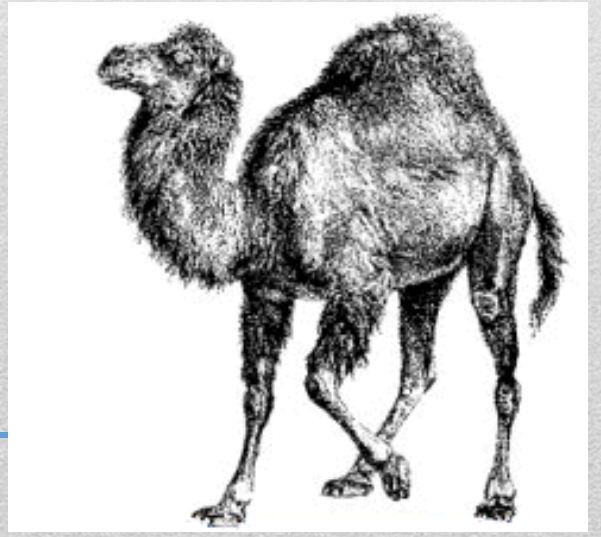
A.A. 2014-2015 semestre I

p1

Introduzione

Obiettivi

- **Programmazione PERL**
  - Soluzione problemi e Debugging
  - Lettura e scrittura di documentazione
  - Manipolazione dei dati: filtro e trasformazione
  - Pattern matching e data mining (esempi)
  - SQL
- **Biologia computazionale**
  - Analisi e manipolazione di biosequenze
  - Interazione con banche dati biologiche (NCBI, EnsEMBL, UCSC)
  - BioPERL



Linee guida

- **Sistema operativo**
  - In aula di calcolo utilizzeremo windows

- **Installazione PERL**

  WIN: http://www.activestate.com/activeperl/downloads
  UNIX, MacOS: normalmente già disponibile

- **Editor di testo**

  - I programmi PERL vengono salvati come file di testo. Ci sono molte opzioni disponibili:
    - http://www.vim.org (UNIX like OS)
    - Notepad (Windows)

  - Se siete interessati ad un **IDE**, questi sono adatti al lavoro che svolgeremo e sono free:
    - www.eclipse.org
    - www.activestate.com/komodo-ide

File sequenze – Formato FASTA

```
>gi|40457238|HIV-1 isolate 97KE128 from Kenya gag gene, partial cds
CTTTTGAATGCATGGGTAAAAGTAATAGAAGAAAGAGGTTTCAGTCCAGAAGTAATACCCATGTTCTCAG
CATTATCAGAAGGAGCCACCCCACAAGATTTAAATACGATGCTGAACATAGTGGGGGGACACCAGGCAGC
TATGCAAATGCTAAAGGATACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGACAGGTTACATCCAGTACATGCA
GGGCCTATTCCGCCAGGCCAGATGAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACTACTAGTACCCCTC
AAGAACAAGTAGGATGGATGACAAACAATCCACCTATCCCAGTGGGAGACATCTATAAAAGATGGATCAT
CCTGGGCTTAAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTGTTAGCATTTTGGACATAAAACAAGGGCCAAAA
GAACCCTTTAGAGACTATGTAGATAGGTTCTTTAAAACTCTCAGAGCCGAACAAGCTT

>gi|40457236| HIV-1 isolate 97KE127 from Kenya gag gene, partial cds
TTGAATGCATGGGTGAAAGTAATAGAAGAAAAGGCTTTCAGCCCAGAAGTAATACCCATGTTCTCAGCAT
TATCAGAAGGAGCCACCCCACAAGATTTAAATATGATGCTGAATATAGTGGGGGGACACCAGGCAGCTAT
GCAAATGTTAAAAGATACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGACAGGTTACATCCAATACATGCAGGG
CCTATTCCACCAGGCCAAATGAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACTACTAGTACCCCTCAAG
AGCAAATAGGATGGATGACAAGCAACCCACCTATCCCAGTGGGAGACATCTATAAAAGATGGATAATCCT
GGGATTAAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTGTTAGCATTTTGGACATAAAACAAGGGCCAAAAGAA
CCTTTCAGAGACTATGTAGATAGGTTTTTTAAAACTCTCAGAGCCGAACAAGCTT

>gi|40457234| HIV-1 isolate 97KE126 from Kenya gag gene, partial cds
CCTTTGAATGCATGGGTGAAAGTAATAGAAGAAAAGGCTTTCAGCCCAGAAGTAATACCCATGTTTTCAG
CATTATCAGAAGGAGCCACCCCACAAGATTTAAATATGATGCTGAACATAGTGGGGGGGCACCAGGCAGC
TATGCAAATGTTAAAAGATACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGACAGGCTACATCCAGCACAGGCA
GGGCCTATTGCACCAGGCCAGATAAGAGAACCAAGGGGAAGTGATATAGCAGGAACTACTAGTACCCCTC
AAGAACAAATAGCATGGATGACAGGCAACCCGCCTATCCCAGTGGGAGACATCTATAAAAGATGGATAAT
CCTGGGATTAAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTGTTAGCATTTTGGATATAAAACAAGGGCCAAAA
GAACCATTCAGAGACTATGTAGACAGGTTCTTTAAAACTCTCAGAGCCGAACAAGCTT
```

GenBank Record

```
LOCUS       AK091721                2234 bp    mRNA    linear   PRI 20-JAN-2006
DEFINITION  Homo sapiens cDNA FLJ34402 fis, clone HCHON2001505.
ACCESSION   AK091721
VERSION     AK091721.1  GI:21750158
KEYWORDS    oligo capping; fis (full insert sequence).
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Catarrhini;
            Hominidae; Homo.
  TITLE     Complete sequencing and characterization of 21,243 full-length
            human cDNAs
  JOURNAL   Nat. Genet. 36 (1), 40-45 (2004)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..2234
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
     CDS             529..1995
                     /note="unnamed protein product"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="BAC03731.1"
                     /db_xref="GI:21750159"
                     /translation="MVAERSPARSPGSWLFPGLWLLVLSGPGGLLRAQEQPSCRRAFD
                      ...
                     RLDALWALLRRQYDRVSLMRPQEGDEGRCINFSRVPSQ"
ORIGIN
        1 gttttcggag tgcggaggga gttggggccg ccggaggaga agagtctcca ctcctagttt
       61 gttctgccgt cgccgcgtcc cagggacccc ttgtcccgaa gcgcacggca gcgggggaa
    ...
```

Perchè Perl?

- **Ampiamente utilizzato in biologia computazionale**
  - Bioperl
    - http://www.bioperl.org/wiki/Main_Page
- **Relativamente semplice da programmare**
  - Ottimo per problemi di pattern matching
  - Semplica creazione di pipelines (controllo di altri programmi)
  - Facile da apprendere (relativamente)
- **Rapida prototipizzazione**
  - Molti problemi possono essere risolti con poche righe di codice
- **Portabilità**
  - Disponibile su *Unix, Windows, Macs*
- **Mentalità Open source radicata da tempo**
  - Molte fonti di informazioni (provare: %perldoc perldoc)
    - %perldoc –f print
  - http://perldoc.perl.org/index-tutorials.html
  - Molti moduli disponibili (http://www.cpan.org/)

L’interprete PERL

PERL è un linguaggio **interpretato**.

L’interprete PERL si occupa di **tradurre** una istruzione scritta in un linguaggio comprensibile per un essere umano in una corrispondente istruzione scritta in un linguaggio comprensibile ad un calcolatore.

Esegue l’istruzione appena tradotta

Continua fino a quando non rimane nessuna istruzione da tradurre

Esiste comunque la possibilità di compilare il codice in un unico file costituito interamente da istruzioni comprensibili al calcolatore generando un **eseguibile** (maggiore velocità di esecuzione).

Docente: **Giorgio Valentini**
Istruttore: **Matteo Re**

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

C.d.l. Biotecnologie Industriali e Ambientali

Biologia computazionale

A.A. 2010-2011 semestre II

p2 BASI DI PERL

Variabili

I **tipi di variabile** PERL sono indicati dall **simbolo iniziale** presente nel loro nome:

`$var` contiene uno scalare (singola stringa o numero)

```
$x = 10;
$s = "ATTGCGT";
$x = 3.1417;
```

`@var` contiene un array (lista di valori)

```
@a = (10, 20, 30);
@a = (100, $x, "Jones", $s);
print "@a\n";  # prints "100 3.1417 Jones ATTGCGT"
```

`%var` contiene un hash (array associativo)

```
%ages = { John => 30, Mary => 22, Lakshmi => 27 };
print $age{"Mary"}, "\n";    # prints 22
```

```
use strict;
```

- Inserire **use strict** all'inizio di un sorgente PERL fa si che quest'ultimo vi "punisca" con un'interruzione di esecuzione quando infrangete certe regole.
- Vi obbliga a dichiarare tutte le variabili
- Evita che le variabili vengano create per errori di battitura

- Le variabili si possono dichiarare usando `my`, `our` o `local`
- Per ora usiamo solo `my`:

```
my $a;                      # value of $a is undef
my ($a, $b, $c); # $a, $b, $c are all undef
my @array;                  # value of @array is ()
```

- E' possibile combinare dichiarazione ed inizializzazione:

```
my @array = qw/A list of words/;
my $a = "A string";
```

Dichiarazione di variabili

Contesto lista e scalare

- Tutte le operazioni in PERL sono valutate in **contesto lista** o **scalare**. Comportamento differente a seconda del contesto.

```
@array = ('one', 'two', 'three');
$a = @array;   # scalar context for assignment, return size
print $a;      # prints 3

($a) = @array;          # list context for assignment
print $a;               # prints 'one'

($a, $b) = @array;
print "$a, $b";                 # prints 'one, two'
($a, $b, $c, $d) = @array;      # $d is undefined
```

Operazioni su stringhe

- Concatenamento di stringhe

```
$DNA1 = "ATG";
$DNA2 = "CCC";
$DNA3 = $DNA1 . $DNA2;      # concatenation operator
$DNA3 = "$DNA1$DNA2";       # string interpolation
print "$DNA3";              # prints ATGCCC

$DNA3 = '$DNA1$DNA2';       # no string interpolation
print "$DNA3";              # prints $DNA1$DNA2
```

Arrays

Un array contiene una lista ordinata di scalari:

```
@gene_array = ('EGF1', 'TFEC', 'CFTR', 'LOC1691');
print "@gene_array\n";
```

Output:

```
EGF1 TFEC CFTR LOC1691
```

```
# there's more than one way to do it (see previous slide
   on declaring variables)
@gene_array = qw/EGF1 TFEC CFTR LOC1691/;
```

The 'quote word' function `qw()` is used to generate a list of words. If takes a string such as:

```
    tempfile tempdir
```

and returns a quoted list:

```
    'tempfile', 'tempdir'
```

http://www.perlmeme.org/howtos/perlfunc/qw_function.html

Arrays

Un array contiene una lista ORDINATA di scalari:

```
@a = ('one', 'two', 'three', 'four');
```

Ad ogni elemento dell'array è associato un indice. Gli indici partono da 0:

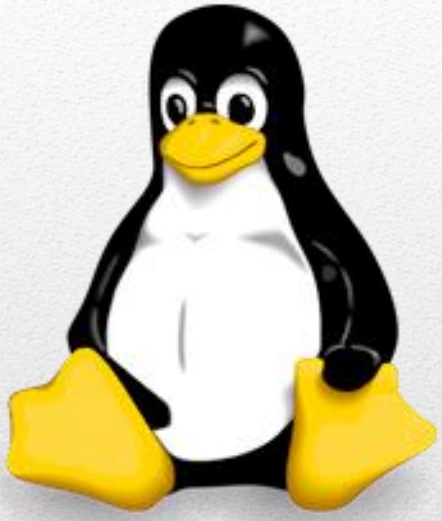
```
print "$a[1] $a[0] $a[3]\n";
```

stampa:

```
two one four
```

Nota bene: $a[i] è uno scalare poichè abbiamo utilizzato il contesto $ per riferirci alla variabile.

Diverse modalità a seconda del sistema operativo: il punto cruciale è come far capire al sistema che vogliamo invocare l'interprete PERL per eseguire lo script.



	MAC	WIN	*NIX
Prima riga	#!/usr/bin/perl		#!/usr/bin/perl
esecuzione	./nomescript (*)	**perl** nomescript	./nomescript (*)

Eseguire script PERL

Sistemi UNIX, MAC : nella shell scrivere **whereis perl**

```
#!/usr/bin/perl -w
# Example 1   Storing DNA in a variable, and printing it out

# First we store the DNA in a variable called $DNA
$DNA = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';

# Next, we print the DNA onto the screen
print $DNA;

# Finally, we'll specifically tell the program to exit
exit;

-- Changing permissions
% chmod +x example1.pl

-- Running a perl script
% ./example1.pl    (UNIX,MAC)
> perl example1.pl (WIN)
```

Sistemi UNIX, MAC : rendere eseguibile lo script

Eseguire script PERL

Lavorare in PERL

1. Creare una **directory**
2. Aprire una **shell** (*NIX, MAC) o il **prompt** dei comandi (WIN) e posizionarsi **nella directory** appena creata (comando **cd**)
3. Aprire un **editor** (Notepad (WIN), VIM, KOMOD, ECLIPSE …)
4. Scrivere un programma in PERL
5. **Salvare il file nella directory** appena creata
6. Tornare alla finestra della **shell** (o al **prompt** dei comandi)
7. **Eseguire** lo script perl

Se ci sono errori, tornare all'editor, modificare lo script, **salvare**, tornare al prompt/shell e rieseguire lo script.

Argomenti

- Operatori di Match
- Sostituzione
- Transliterazione
- Funzioni per stringhe
  - length, reverse
- Funzioni per arrays
  - scalar, reverse, sort
  - push, pop, shift, unshift
- Cicli
  - while, foreach, for
- Split e join
- Input/Output

```
$dna = "ATGCATTT";
if ($dna =~ /ATT/) {
    print "$dna contains ATT\n";
}
else {
    print "$dna doesn't contain ATT\n";
}
```

=~

Output:

```
ATGCATTT contains ATT
# matching a pattern
$dna = "ATGAAATTT";
$pattern = "GGG";
if ($dna =~ /$pattern/) {
    print "$dna contains $pattern\n";
}
else {
    print "$dna doesn't contain $pattern\n";
}
print "\n";

ATGAAATTT doesn't contain GGG
```

Operatore Match

```
print "substitution example:\n";
$dna = "ATGCATTT";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ s/TGC/gggagc/;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
substitution example:
Old DNA: ATGCATTT
New DNA: AgggagcATT
```

```
print "single substitution:\n";
$dna = "ATGCATTT";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ s/T/t/;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
single substitution:
Old DNA: ATGCATTT
New DNA: AtGCATTT
```

```
print "global substitution:\n";
$dna = "ATGCATTT";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ s/T/t/g;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
global substitution:
Old DNA: ATGCATTT
New DNA: AtGCAttt
```

Sostituzione

```
print "removing white space\n";
$dna = "ATG CATTT   CGCATAG";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ s/\s//g;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
removing white space
Old DNA: ATG CATTT   CGCATAG
New DNA: ATGCATTTCGCATAG
```

```
print "substitution ignoring
   case\n";
$dna = "ATGCAttT";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ s/T/U/gi;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
substitution ignoring case
Old DNA: ATGCAttT
New DNA: AUGCAUUU
```

Sostituzione

Calcolo della strand complementare di DNA (con baco)

```
#!/usr/bin/perl -w
# Calculating the complement of a strand of DNA (with bug)

# The DNA
$strand1 = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';
print "strand1: $strand1 \n";

# Copy strand1 into strand2
$strand2 = $strand1;

# Replace all bases by their complements: A->T, T->A, G->C, C->G
$strand2 =~ s/A/T/g;
$strand2 =~ s/T/A/g;
$strand2 =~ s/G/C/g;
$strand2 =~ s/C/G/g;

print "strand2: $strand2 \n";
exit;

% complement1
strand1: ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC
strand2: AGGGGAGGAGGGGAAAAAAAGAAGGGGAAAAGG
```

Sapete trovare il baco?

```
print "transliteration operator\n";
$dna = "ATGCAttT";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ tr/T/U/;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
transliteration operator
Old DNA: ATGCAttT
New DNA: AUGCAttU
```

```
print "tr on multiple
   characters\n";
$dna = "ATGCAttT";
print "Old DNA: $dna\n";
$dna =~ tr/Tt/Uu/;
print "New DNA: $dna\n\n";
```

```
tr on multiple characters
Old DNA: ATGCAttT
New DNA: AUGCAuuU
```

tr/ / /

Operatore di Transliterazione

```
print "DNA complement strand\n";
$dna = "ATGCAttT";
$complement = $dna;
$complement =~ tr/AaTtGgCc/TtAaCcGg/;
print "$dna\n";
print "$complement\n\n";
```

```
DNA complement strand
ATGCAttT
TACGTaaA
```

Strand Complementare di DNA

Calcolo della strand complementare di DNA (senza baco)

```
#!/usr/bin/perl -w
# Calculating the complement of a strand of DNA

# The DNA
$strand1 = 'ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC';
print "strand1: $strand1\n";

# Copy strand1 into strand2
$strand2 = $strand1;

# Replace all bases by their complements: A->T, T->A, G->C, C->G
# tr replaces each char in first part with char in second part
$strand2 =~ tr/ATGC/TACG/;

print "strand2: $strand2 \n";
exit;

% complement2
strand1: ACGGGAGGACGGGAAAATTACTACGGCATTAGC
strand2: TGCCCTCCTGCCCTTTTAATGATGCCGTAATCG
```

Come è stato eliminato il baco?

```
print "length function\n";
$dna = "ATGCAttT";
$size = length($dna);
print "DNA $dna has length $size\n\n";
```

```
length function
DNA ATGCAttT has length 8
```

Funzione Length

```
print "reverse function\n";
$dna = "ATGCAttT";
$reverse_dna = reverse($dna);
print "DNA: $dna\n";
print "Reverse DNA:
   $reverse_dna\n\n";
```

```
reverse function
DNA: ATGCAttT
Reverse DNA: TttACGTA
```

```
print "reverse complement\n";
$dna = "ATGCAttT";
$rev_comp = reverse($dna);
$rev_comp =~
   tr/AaTtGgCc/TtAaCcGg/;
print "$dna\n";
print "$rev_comp\n\n";
```

```
reverse complement
ATGCAttT
AaaTGCAT
```

Funzione Reverse

Funzioni su Array : scalar, reverse, sort

```
print "array of gene names\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
$size = scalar @genes;
print "A list of $size genes: @genes\n";
@genes = reverse @genes;
print "Reversed list of $size genes: @genes\n";
@genes = sort @genes;
print "Sorted list of $size genes: @genes\n\n";
```

```
array of gene names
A list of 3 genes: HOXB1 ALPK1 TP53
Reversed list of 3 genes: TP53 ALPK1 HOXB1
Sorted list of 3 genes: ALPK1 HOXB1 TP53
```

Aggiunta di elementi alla fine di un array

```
print "Appending to an array\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
push @genes, "ZZZ3";
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes: @genes\n";
push @genes, ("EGF", "EFGR");
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes: @genes\n\n";
```

```
Appending to an array
There are now 4 genes: HOXB1 ALPK1 TP53 ZZZ3
There are now 6 genes: HOXB1 ALPK1 TP53 ZZZ3 EGF EFGR
```

Rimuovere elementi alla fine di un array

```
print "Removing items from end of array\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53", "EGF");
$size = scalar @genes;
print "A list of $size genes: @genes\n";
pop @genes;
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes: @genes\n";
$gene = pop @genes;
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes: @genes\n";
print "There gene removed was $gene\n\n";
```

```
Removing items from end of array
A list of 4 genes: HOXB1 ALPK1 TP53 EGF
There are now 3 genes: HOXB1 ALPK1 TP53
There are now 2 genes: HOXB1 ALPK1
There gene removed was TP53
```

Rimuovere elementi dall' inizio di un array

```
print "Removing items from front of array\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53", "EGF");
$size = scalar @genes;
print "A list of $size genes: @genes\n";
shift @genes;
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes: @genes\n";
$gene = shift @genes;
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes: @genes\n";
print "There gene removed was $gene\n\n";
```

```
Removing items from front of array
A list of 4 genes: HOXB1 ALPK1 TP53 EGF
There are now 3 genes: ALPK1 TP53 EGF
There are now 2 genes: TP53 EGF
There gene removed was ALPK1
```

```
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
while (scalar @genes > 0) {
    $gene = shift @genes;
    print "Processing gene $gene\n";
    # put processing code here
}
```

```
Processing gene HOXB1
Processing gene ALPK1
Processing gene TP53
```

```
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
while (@genes) {
    $gene = shift @genes;
    print "Processing gene $gene\n";
    # put processing code here
}
$size = scalar @genes;
print "There are now $size genes in
   the list: @genes\n";
```

```
Processing gene HOXB1
Processing gene ALPK1
Processing gene TP53
There are now 0 genes in the list:
```

Ciclo `while` per il processamento di liste

```
print "foreach loop to process all items from a list\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
foreach $gene (@genes) {
    print "Processing gene $gene\n";
    # put processing code here
}
$size = scalar @genes;
print "There are still $size genes in the list: @genes\n";
```

```
foreach loop to process all items from a list
Processing gene HOXB1
Processing gene ALPK1
Processing gene TP53
There are still 3 genes in the list: HOXB1 ALPK1 TP53
```

Ciclo `foreach` per il processamento di liste

```
print "another for loop to process a list\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
$size = scalar @genes;
for (my $i = 0; $i < $size; $i++) {
    $gene = $genes[$i];
    print "Processing gene $gene\n";
    # put processing code here
}
$size = scalar @genes;
print "There are still $size genes in the list: @genes\n";
```

```
another for loop to process a list
Processing gene HOXB1
Processing gene ALPK1
Processing gene TP53
There are still 3 genes in the list: HOXB1 ALPK1 TP53
```

Ciclo `for` per il processamento di liste

```
print "converting array to
   string\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1",
   "TP53");
$string = join(" ", @genes);
print "String of genes:
   $string\n";
$size = length $string;
print "String has length:
   $size\n";
```

```
converting array to string
String of genes: HOXB1 ALPK1 TP53
String has length: 16
```

```
print "join with empty
   separator\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1",
   "TP53");
$string = join("", @genes);
print "String of genes:
   $string\n";
$size = length $string;
print "String has length:
   $size\n";
```

```
join with empty separator
String of genes: HOXB1ALPK1TP53
String has length: 14
```

join: converte array in stringa

```
print "join with newline separator\n";
@genes = ("HOXB1", "ALPK1", "TP53");
$string = join "\n", @genes;
print "String of genes: $string\n";
$size = length $string;
print "String has length: $size\n\n";
```

```
join with newline separator
String of genes: HOXB1
ALPK1
TP53
String has length: 16
```

join con separatore newline

```
print "converting string to array\n";
$dna = "ATGCATTT";
@bases = split "", $dna;
print "dna = $dna\n";
$size = scalar @bases;
print "The list of $size bases: @bases\n\n";
```

```
converting string to array
dna = ATGCATTT
The list of 8 bases: A T G C A T T T
```

`split`: conversione di stringhe in array

```
print "split on white space\n";
$string = "HOXB1 ALPK1   TP53";
@genes = split " ", $string;
print "$string\n@genes\n\n";
```

```
split on white space
HOXB1 ALPK1   TP53
HOXB1 ALPK1 TP53
```

```
print "split on 'P'\n";
$string = "HOXB1 ALPK1   TP53";
@genes = split "P", $string;
print "$string\n";
foreach $gene (@genes) {
    print "|$gene|\n";
}
```

```
split on 'P'
HOXB1 ALPK1   TP53
|HOXB1 AL|
|K1   T|
|53|
```

split: utilizzo separatori

@ARGV : un array speciale

L'array @**ARGV** è la lista degli **argomenti** che vengono passati al programma:

% myprogram.pl hello 73 abcdef

è equivalente a:

```
@ARGV = ("hello", 73, "abcdef");
```

Apertura files

Per ha due modi principali di aprire I files:

-- alla maniera della shell (prompt) per convenienza
-- Alla maniera del linguaggio C per precisione

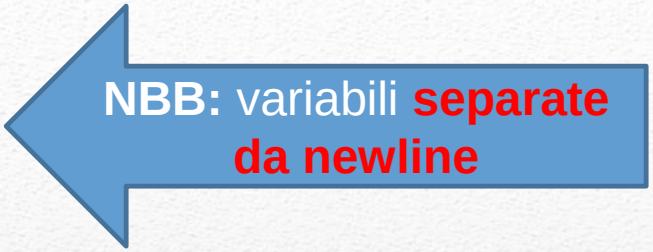
Apertura files: la via della shell:

```
% myprogram file1 file2 file3
% myprogram    <  inputfile
% myprogram    >  outputfile
% myprogram    >> outputfile
% myprogram    |  otherprogram
% otherprogram |  myprogram
```

```
#!/usr/bin/perl
use strict;
use warnings;
# File: readname.pl

# Read in name and age
print "Enter your name: ";
my $name = <>;              # "<>" reads one line from "standard input"
chomp $name;                # chomp deletes any newlines from end of
   string

print "Enter your age: ";
my $age = <>;
chomp $age;

print "Hello, $name!  ";
print "On your next birthday, you will be ", $age+1, ".\n";
exit;

% readname.pl
Enter your name: Joe Smith
Enter your age: 20
Hello, Joe Smith!  On your next birthday, you will be 21.
```

Input interattivo da tastiera

```
% cat infile
Joe Smith
20
```




```
% readname.pl < infile
Enter your name: Enter your age: Hello, Joe Smith!  On your
  next birthday, you will be 21.
%
```

Input da file

(Comodo per leggere **file parametri**)

```
#!/usr/bin/perl
use strict;
use warnings;

# Read in name and age
# print "Enter your name: ";
my $name = <>;              # "<>" reads one line from "standard input"
chomp $name;                # chomp deletes any newlines from end of string

# print "Enter your age: ";
my $age = <>;
chomp $age;

print "Hello, $name!  ";
print "On your next birthday, you will be ", $age+1, ".\n";
exit;

% readname.pl < infile
Hello, Joe Smith!  On your next birthday, you will be 21.
%
```

Commentate (#) tutte le chiamate print PRIMA della lettura del file

Input da file file

(visto dall'**interno** dello script)

Funzione open

- La funzione **open** richiede **due** argomenti:
  - Un **filehandle**
  - Una **stringa** che dice a PERL **cosa** aprire e **come**.
- Open ritorna 1 quanto tutto è andato bene o mette la descrizione dell'errore nella variabile speciale **$!** e poi blocca il programma
- Se un filehandle con lo stesso nome è già aperto **lo chiude** implicitamente

```
open INFO,   "<  datafile"  or die "can't open datafile: $!";
open RESULTS,">  runstats"  or die "can't open runstats: $!";
open LOG,    ">> logfile "  or die "can't open logfile:  $!";
```

< **modalità lettura**

> **Modalità scrittura**

>> **Modalittà append (aggiunta in coda)**

Funzione close

- La funzione **close** richiede **un** argomento:
  - Il **filehandle** aperto in precedenza dalla funzione open

```
open INFO,   "<  datafile"  or die "can't open datafile: $!";

# … fare qualcosa con il file

close INFO;
```

Perl.com

(http://www.perl.com)

Perl.it

(http://www.perl.it)

Buone fonti di informazioni

(manuali, tutorials, discussioni, recensioni …)