

***Liesmich* zum Kurs: Programmieren in der  
Bioinformatik mit Perl – Konfigurierung der  
Programmierungsumgebung**

# 1 Allgemeines

Um die Beispiele und Aufgaben des Kurses *Programmieren in der Bioinformatik mit Perl* an Ihrem Computer zu bearbeiten, müssen Sie sicherstellen, dass Sie eine lauffähige Version des Perl Interpreters auf Ihrem lokalen Computer installiert haben. Der Text der Perl Programme kann mit einem Standard-Texteditor bearbeitet werden.

Die Perl Programme können dann direkt von der Kommandozeile, die je nach Betriebssystem (Windows, MacOS X, Linux etc.) unterschiedlich aussehen kann, mit dem Aufruf

```
perl [Programm_Name.pl]
```

ausgeführt werden.

Dazu müssen Sie allerdings sicherstellen, dass der Verzeichnis-Pfad zum Perl Interpreter im Standard-Pfad des Betriebssystems angegeben ist.

Wenn das gewährleistet ist, können Sie den Perl Interpreter aus jedem Verzeichnis des Betriebssystems aufrufen. Um die Beispiel-Programme auszuführen, können Sie entweder

1. konsequent in einem Verzeichnis arbeiten (das dann alle Perl-Dateien und Dateien mit Quelldaten enthält), oder
2. ihr momentanes Arbeitsverzeichnis ebenfalls im Standard-Pfad des Betriebssystems definieren. Dann durchsucht das Betriebssystem bei der Ausführung eines Perl-Programms ebenfalls dieses Verzeichnis nach benötigten Dateien.

## 2 Windows-Benutzer

Der Kurs wurde erstmals im Rahmen einer Lehrerfortbildung an der *Landesakademie für Fortbildung und Personalentwicklung an Schulen*, Esslingen, Deutschland unterrichtet (Kursdauer: 2 x 2 1/2 Tage). Die Schulungsumgebung war mit dem Betriebssystem Windows XP ausgestattet. Gearbeitet wurde mit

1. einer Installation von *ActiveState's* Perl Interpreter *ActivePerl* und
2. dem Perl Editor von *DzSoft*

Beide Programme können im Internet von den respektiven Web-Seiten heruntergeladen werden (siehe unten: 4 WWW-Links)

### 2.1 Perl Installation

To stay up-to-date on product enhancements and upgrades, please enter your contact info below.  
**Contact info is not required to download.**

Email address:

Name (First / Last):

Company:

Gehen Sie auf die Homepage von ActiveState, registrieren Sie sich als Benutzer

und laden Sie sich die aktuelle Version des ActivePerl Interpreters (MSI Package mit Installationsprogramm) herunter:

Nach dem Herunterladen: führen Sie die Installation mit Doppelklick auf **ActivePerl-5.6.1.635-MSWin32-x8** aus.

<b>ActivePerl 5.6.1 build 635</b>	Windows	<b>MSI</b>	8.6MB
	Windows	<b>AS package</b>	8.4MB
	Solaris	<b>pkgadd</b>	9.2MB
	Solaris	<b>AS package</b>	9.3MB
	Linux (*)	<b>RPM</b>	9.4MB
	Linux	<b>DEB</b>	9.5MB
	Linux	<b>AS package</b>	9.2MB
<b>ActivePerl 5.8.3 build 809</b>	Windows	<b>AS package</b>	11.9MB
	Windows	<b>MSI</b>	12.0MB
	Solaris	<b>AS package</b>	14.4MB
	Linux (*)	<b>RPM</b>	17.8MB
	Linux	<b>AS package</b>	14MB
	Linux	<b>DEB</b>	14.4MB

### 2.2 Perl-Editor

Gehen Sie zur Homepage von DzSoft. Unter *DzSoft Perl Editor* können Sie sich die aktuelle Version des Editors herunterladen

Nach dem Herunterladen: führen Sie die Installation mit Doppelklick auf **dzperl541.exe** aus.

### 3 Mac-Benutzer

Im Betriebssystem Mac OS X ist bereits eine Perl Installation enthalten. Da Mac OS X volle Unix-Funktionalität hat, bietet es sich an direkt auf der Kommandozeile des Terminals zu arbeiten.

```
Terminal — tcsh (tty1)
[woe-hodge91~/Desktop/Alle_Perl_Programme Feb 04] picker% ls
AA_Freq_3Char.pl          For_Schleife_Zoehlen.pl      Name_Aus.pl                Seq_In_Dot.pl
AA_Freq_3Char_alt.pl     Fragment_Laenge.pl          Nukleotid_Bausteine_Zoehlen.pl  Seq_In_Dot_foreach.pl
Addieren_Enzym_Hash.pl   Funktion_Test.pl            P0008832.pst                Seq_In_Dot_row.pl
Atrophin_1_Frag.fasta    If_else_test.pl             P0008833.pst                Seq_In_Dot_regev.pl
Ausgabe_Enzym_Hash.pl    Iffelse_test.pl            P0008834.pst                Seq_In_Dot_string.pl
BioData.pm               Konkat_Comp.pl              Presenilin_hum_prot_mult.fasta  Seq_In_Dot_while.pl
BioSequenz.pm            Konkat_Comp_revkom.pl       Prosite_scan.pl             Sequenz_Array.pl
BioSequenz.pm~           Konkat_Comp_substr.pl      Protein_Seq.fasta            Test.fasta
Codon.tab                Konkat_Comp_trans.pl        Res_Aus_Dat.pl               Test_2.fasta
DNA_rc_trans.pl          Lesen_Fasta.pl              Res_Aus_Dat_alt.pl           Translate.pl
Do_Until_test.pl         Lesen_Mult_FASTA.pl         Res_Aus_Dat_tab.pl           Translate_usage.pl
Enzym_tab                Lesen_Mult_FASTA_hash.pl     Res_In_Comp.pl               Usage_test.pl
Enzym_Master.tab         Lesen_Mult_FASTA_slurp.pl    Res_In_Dat.pl                done_1_1.fasta
Enzym_hash.pl            Modul_test.pl                Res_In_Dat_Args.pl           hash_test.pl
Enzym_hash_auswahl.pl    Muster_ganz.pl               Restrict.pl                   pZERO2.fasta
Enzyme_In_Dat_row.pl     Muster_vor_noch.pl          Seq_Aus.pl
[woe-hodge91~/Desktop/Alle_Perl_Programme Feb 04] picker% perl DNA_rc_trans.pl Test.fasta]
```

```
Terminal — tcsh (tty1)
File Edit Options Buffers Tools Help
#!/usr/bin/perl -w
[]
use BioSequenz;

# Aufruf der Subroutine zum Lesen der FASTA Datei
# aus dem Modul BioSequenz.pm
@Fasta_Data = lesen_fasta_datei($ARGV[0]);

# Aufruf der Subroutine zur Revers-Komplementierung
# aus dem Modul BioSequenz.pm
$RevCom_Sequenz = string_revcom($Fasta_Data[1]);

# Aufruf der Subroutine zur Translatierung
# aus dem Modul BioSequenz.pm
# des Sinn-Stranges (forward)
@Protein_Sequenz_forward = translatieren_sequenz($Fasta_Data[1]);
# des Gegensinn-Stranges (reverse)
@Protein_Sequenz_reverse = translatieren_sequenz($RevCom_Sequenz);

# Ausgabe auf dem Bildschirm
print "\nUntersuchte Sequenz:\t$ARGV[0]\n";
print "\nFASTA-Kopfzeile:\t$Fasta_Data[0]\n";
print "\nRoh-Sequenz:\n5' - $Fasta_Data[1] - 3'\n";
print "\nRevers-komplementaere Sequenz:\n5' - $RevCom_Sequenz - 3'\n";
# Die Leseraster auf dem Forward-Strand
$zaehl = 1;
print "\nTranslatierte Sequenzen (forward strand):\n\n";
foreach $element (@Protein_Sequenz_forward) {
    print "Leseraster (+)$zaehl:\n";
    print "-----\n";
    print "H2N - $element - COOH\n\n";
    $zaehl++;
}
# Die Leseraster auf dem Reverse-Strand
$zaehl = 1;
foreach $element (@Protein_Sequenz_reverse) {
    print "Leseraster (-)$zaehl:\n";
    print "-----\n";
    print "H2N - $element - COOH\n\n";
    $zaehl++;
}
}
exit;
```

```
--1-:---F1 DNA_rc_trans.pl (Perl)--L2--All-----
```

Der Text-Editor *Emacs* ist ebenfalls standardmäßig unter Mac OS X mitinstalliert.

## 4 WWW Links

### ActivePerl

Der Perl Interpreter von ActiveState für die Betriebssysteme Linux, Solaris und Windows. Mit Installationsprogramm für die verschiedenen Betriebssysteme.

[www.activestate.com/Products/ActivePerl/](http://www.activestate.com/Products/ActivePerl/) (Informationen)

[www.activestate.com/Products/Download/Register.plex?id=ActivePerl](http://www.activestate.com/Products/Download/Register.plex?id=ActivePerl) (Registrieren & Herunterladen)

### DzSoft Perl Editor

Der Perl Editor von DzSoft wird als Shareware angeboten: es können Perl Programme bis 120 Zeilen editiert werden.

[www.dzsoft.com/dzperl.htm](http://www.dzsoft.com/dzperl.htm)

### Emacs Editor

Emacs ist der Standard-Texteditor, installiert auf allen Unix-basierten Betriebssystemen.

[www.gnu.org/software/emacs/emacs.html](http://www.gnu.org/software/emacs/emacs.html) (Informationen und Herunterladen)

[www-pool.math.tu-berlin.de/doc/emacs/emacsintro.html](http://www-pool.math.tu-berlin.de/doc/emacs/emacsintro.html) (Einführung in Emacs)

[www.oreilly.de/german/freebooks/rlinux3ger/ch093.html](http://www.oreilly.de/german/freebooks/rlinux3ger/ch093.html) (Einführung in Emacs)