

Zugrunde	Alexander Picker:
liegende	Block 2 zu: Programmieren in der Bioinformatik mit Perl
Infomaterialien	Europäisches Lernlabor für die Biowissenschaften (ELLS) am EMBL, Heidelberg, Februar 2004.

Nach der Textbearbeitung sollten Sie wissen,

wie eine Dateneingabe über die Kommandozeile im Quellcode formuliert wird
was man unter einem „Zeilenvorschubszeichen“ versteht
weshalb der chomp-Befehl im Zusammenhang mit einer Kommandozeilen-
Dateneingabe benötigt wird.

ob sich skalare Variable \$A unterscheiden, wenn sie in einem Fall einem chomp-
Befehl ausgesetzt waren (chomp \$A) und im anderen Fall nicht (# chomp \$A)

wodurch eine so genannte „Konkatenierung“ gekennzeichnet ist
was man unter einem „File-Handle“ oder „Datei-Handle“ versteht

wodurch sich, im Rahmen des open-Befehls die Pfeilzeichehn „>“, „>>“ und „<“
unterscheiden

in welches Verzeichnis neu angelegte Perl-Ausgabedateien gespeichert werden
wodurch sich die Befehle „print“ und „print FILE“ unterscheiden.

was man unter einem „FASTA-Format“ versteht (und wo Sie das in Ihrem Leben als
Bioinformatikerin und Bioinformatiker schon mal gehört haben ...)

welche Auswirkung der Quellcode „\t“ hat

wodurch eine Variable vom Typ Array definiert ist

wodurch eine Variable vom Typ Array gekennzeichnet ist

was der Unterschied zwischen einer skalaren Variable und einer Array-Variable ist

...