

1. Übung „Angewandte Bioinformatik mit Perl und R“

1. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das „Hallo Welt“ ausgibt und starten Sie es mit den drei in der Vorlesung vorgestellten Befehlen. (0 Punkte)
2. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das
 - a) eine skalare Variable $\$i$ mit einem Integer-Wert belegt
 - b) eine skalare Variable $\$d$ mit einem Double-Wert belegt
 - c) den Operator \times mit einer von Ihnen gewählten Anzahl von Wiederholungen auf $\$i$ anwendet und das Ergebnis in einer neuen Variable $\$s$ speichert
 - d) $\$s$ durch $\$d$ teilt und das Ergebnis wieder $\$s$ zuweist.

Geben Sie jedes (Zwischen-) Ergebnis aus. Beschreiben Sie kurz, was Sie beobachten. (2 Punkte)

3. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das ein einzelnes DNA-Nukleotid (A, C, G oder T) als Argument akzeptiert und das komplementäre Nukleotid der RNA (A,C,G,U) ausgibt. Das Skript soll das komplementäre Nukleotid dabei in einem Hash nachschauen. (2 Punkte)
4. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das
 - a) überprüft, ob eine Datei, deren Pfad als Argument übergeben wurde, existiert, und eine entsprechende Meldung ausgibt, (2 Punkte)
 - b) die angegebene Datei zum Lesen öffnet, einliest und die Anzahl der Zeilen zählt und ausgibt und (2 Punkte)
 - c) die Zeilen der angegebenen Datei in umgekehrter Reihenfolge in eine zweite Datei schreibt.(2 Punkte)