

# Fichiers et SQL - Fiche 20 minutes

---

## Fichiers

```
f = open(nom_du_fichier, mode_d_ouverture) # f est de type file
lines = f.readlines() # lines est la liste des lignes du fichier
content = f.read() # content contient tout le contenu du fichier
f.write('hello') # écrit hello dans le fichier f
f.close() # ferme le fichier f
```

Modes d'ouverture :

- 'r' : Read. Permet de lire dans le fichier
- 'w' : Write. Permet d'écrire dans le fichier. Avant ouverture, le fichier est vidé. S'il n'existe pas il est créé.
- 'a' : Append. Permet d'écrire dans le fichier à partir de la fin du dit fichier. Sert à ajouter du texte à un fichier. Si le fichier n'existe pas, il est créé.
- 'r+' : Read + Write. Permet de lire et écrire dans le fichier. Ne détruit pas le contenu du fichier comme w. Le curseur est placé au début du fichier

## SQL

### Différentes requêtes possibles :

- SELECT fields FROM table : Sélectionne des données. Lit la base de données.
- INSERT INTO table(fields) VALUES(42, 'test') : Insère des nouvelles données.
- UPDATE table SET field=42 : Modifie des données.
- DELETE FROM table : Supprime des données.

WHERE condition	Filtre les entrées affectées par une condition.
ORDER BY field [DESC]	Trie les données par rapport à field. DESC pour un tri décroissant.
SELECT t1 JOIN t2 ON t1.f1 = t2.f2	Joint les tables t1 et t2 en faisant le collage là où les champs f1 et f2 sont égaux
SELECT field AS nice ...	Renomme field en nice le temps de la requête
SELECT COUNT(*) ...	Compte le nombre d'entrées de la table
WHERE text LIKE '%end'	Filtre sur la condition "text finit par 'end' "

```
SELECT * FROM sequence; -- Sélectionne les données de "sequence".

SELECT * FROM sequence WHERE id > 4; -- Sélectionne les données
de "sequence" qui ont un "id" supérieur à 4.
```

```
SELECT seq, seqtype_id FROM table; -- Sélectionne les champs seq et seqtype_id de la table "sequence".
```

```
SELECT * FROM sequence ORDER BY id DESC; -- Sélectionne les données de "sequence" dans l'ordre décroissant d'id.
```

```
SELECT * FROM Sequence JOIN SequenceType ON Sequence.seqtype_id = SequenceType.id; -- Sélectionne les données de "Sequence" tout en y liant les informations dans "SequenceType".
```

```
SELECT field AS nice_name FROM table; -- Sélectionne le champ "field" de "table" en appelant ce champ "nice_name".
```

```
SELECT COUNT(short_name) FROM SequenceType; -- Compte le nombre d'entrées dont le champ "short_name" est non NULL.
```

```
SELECT * FROM sequence WHERE seq LIKE '%A'; -- Sélectionne les entrées de "sequence" dont le champ "seq" finit par 'A'.
```

```
INSERT INTO sequence(seq, seqtype_id) VALUES('ATCGTA', 2); -- Insère une ligne dans la table sequence avec les valeurs ATCGTA et 2.
```

```
DELETE FROM sequence WHERE seq LIKE '%T%U%' OR seq LIKE '%U%T%'; -- Supprime toutes les lignes pour lesquelles seq contient les nucléotides 'T' ET 'U'.
```

```
UPDATE sequence SET name='Acide ribonucléique' WHERE name LIKE 'Acide robonucléiqu'; -- Corrige une faute de frappe à l'entrée contenant 'acide robonucléiqu'
```