

天津医科大学实验课教案首页

(共 4 页、第 1 页)

课程名称：分子生物计算	实验名称：实验 5 子程序和 Bugs	
教师姓名：伊现富	职称：讲师	教学日期：2016 年 12 月 8 日 10:00-12:00
授课对象：生物医学工程与技术学院 2013 级生信班（本）	实验人数：30	
实验类型（验证型、综合型、设计型、创新型）：验证型	实验分组：一人一机	
学时数：2	教材版本：Perl 语言在生物信息学中的应用——基础篇	

实验目的与要求：

- 了解 Perl 语言中的模块和子程序库。
 - 熟悉 Perl 调试器。
 - 掌握 Perl 语言中的子程序。
-

实验内容及学时分配：

- (10') 子程序：回顾 Perl 语言中子程序的定义、使用等基本知识。
 - (5') 程序调试：总结调试 Perl 程序的方法。
 - (85') 实验操作：编写用于生物序列数据处理的子程序并进行调试。
-

主要仪器和实验材料：

- 主要仪器：一台安装有 Perl 语言（Linux 操作系统）的计算机。
-

实验重点、难点及解决策略：

- 重点难点：传递数据给子程序的方法；Perl 调试器的使用。
 - 解决策略：通过演示进行学习，通过练习熟练掌握。
-

思考题：

- 比较传递数据给子程序的方法。
 - 总结调试 Perl 程序的方法。
-

参考资料：

- Beginning Perl for Bioinformatics, James Tisdall, O'Reilly Media, 2001.
 - Perl 语言入门（第六版），Randal L. Schwartz, brian d foy & Tom Phoenix 著，盛春 译，东南大学出版社，2012。
 - Mastering Perl for Bioinformatics, James Tisdall, O'Reilly Media, 2003.
 - 维基百科等网络资源。
-

主任签字：

年 月 日

教务处制

一、子程序 (10 分钟)

- | | | |
|---------------------------|-----------------------------|-------------------------|
| 1. 定义: <code>sub</code> | 3. 返回值: <code>return</code> | 5. 作用域: <code>my</code> |
| 2. 调用: <code>&</code> | 4. 收集参数: <code>@_</code> | 6. 传递数据: 值 vs. 引用 |

二、程序调试 (5 分钟)

- | | |
|--|--|
| 1. <code>use warnings</code> ; 和 <code>use strict</code> ; | 3. 添加 <code>print</code> 语句 |
| 2. 选择性注释 | 4. Perl 调试器: <code>p,n,s,v,c,b,B,w,R...</code> |

三、实验操作 (85 分钟)

1. 编写子程序

```
#!/usr/bin/perl -w

$dna = 'CGACGTCTTCTCAGGCGA';
$longer_dna = addACGT($dna);
print "I added ACGT to $dna and got $longer_dna\n\n";
```

```
sub addACGT {
    my ($dna) = @_;
    $dna .= 'ACGT';
    return $dna;
}
```

2. 使用 `my` 限定作用域

```
#!/usr/bin/perl -w

$dna = 'AAAAA';
$result = A_to_T($dna);
print "I changed all the A's in $dna to T's and got $result\n\n";
```

```
sub A_to_T {
    my ($input) = @_;
    my $dna = $input;
    $dna =~ s/A/T/g;
    return $dna;
}
```

3. 传递数据给子程序

(1) 通过值传递

```
#!/usr/bin/perl -w
use strict;

my $i = 2;
simple_sub($i);
print "In main program, after the subroutine call, \\\$i equals $i\n\n";

sub simple_sub {
    my($i) = @_;
    $i += 100;
    print "In subroutine simple_sub, \\\$i equals $i\n\n";
}
```

(2) 通过引用传递

```
#!/usr/bin/perl

use strict;
use warnings;

my @i = ('1', '2', '3');
my @j = ('a', 'b', 'c');
print "In main program before calling subroutine: i = " . "@i\n";
print "In main program before calling subroutine: j = " . "@j\n";
reference_sub(\@i, \@j);
print "In main program after calling subroutine: i = " . "@i\n";
print "In main program after calling subroutine: j = " . "@j\n";
exit;

sub reference_sub {
    my($i, $j) = @_;
    print "In subroutine : i = " . "$i\n";
    print "In subroutine : j = " . "$j\n";
    push(@$i, '4');
    shift(@$j);
}
```

4. 使用命令行参数

```
#!/usr/bin/perl -w

use strict;

my ($USAGE) = "$0 DNA\n\n";
unless (@ARGV) {
    print $USAGE;
    exit;
}
my ($dna) = $ARGV[0];
my ($num_of_Gs) = countG($dna);
print "\nThe DNA $dna has $num_of_Gs G's in it!\n\n";
exit;

sub countG {
    my ($dna) = @_;
    my ($count) = 0;
    $count = ( $dna =~ tr/Gg// );
    return $count;
}
```

5. 使用 Perl 调试器修复 Bugs (注意: 程序中的 bug 不止一个)

```
#!/usr/bin/perl

my $dna = 'CGACGTCTTCTAAGGCGA';
my @dna;
my $receivingcommittment;
my $previousbase = '';
my $subsequence = '';

if (@ARGV) {
    my $subsequence = $ARGV[0];
}
else {
    $subsequence = 'TA';
}

my $base1 = substr( $subsequence, 0, 1 );
my $base2 = substr( $subsequence, 1, 1 );

@dna = split( ' ', $dna );

foreach (@dna) {
    if ($receivingcommittment) {
        print;
        next;
    }
    elsif ( $previousbase eq $base1 ) {
        if (/ $base2/) {
            print $base1, $base2;
            $recievingcommitment = 1;
        }
    }
    $previousbase = $_;
}

print "\n";
exit;
```