1. 编写一个Perl程序（程序名：sphw1.pl），用open函数打开 我们提供的genes.txt文件并读取文件内容，查找CAMTA1在第几行，打印输 出这个基因所在的行数。 测试的文件：genes.txt 提示：open打开文件，while循环，chomp去掉换行符，if语句判断基因 输入：genes.txt 输出：基因所在的行数，如（CAMTA1: 20）

pen (FILE,"<C:/genes.txt")||die "can'topen error";

my $i =1;

while (my$line=<FILE>)

{

chomp($line);

if ( $line eq "CAMTA1")

{

print$i, "\n";

}

$i=$i+1;

}

close(FILE)

1. 编写一个Perl程序（程序名：sphw2.pl）,用open函数打开一个 输出文件（名为：arrays.txt）,把以下数组 @array = (100.10112, 110.093, 99.006, 63.567, 108.012, 180.126)的 值打印输出到文件（ arrays.txt）,每个值(保留小数点2位)一行。 测试的数组： @array = (100, 110, 99, 63, 108, 180) 提示：利用open函数构建一个输出文件句柄，利用for或者foreach 遍历数组，用printf(“%10.2f”, 数字)函数打印到输出文件。 输入：数字数组 输出文件： arrays.tx

open(OUTPUT, ">C:/arrays.txt")||die "ERROR IN ARRAY";

@array = (100.10112, 110.093, 99.006, 63.567, 108.012, 180.126);

foreach my $val (@array)

{

printf OUTPUT "%10.2f", $val;

}

close(OUTPUT);

3. 3、编写一个Perl程序（程序名：sphw3.pl）,创建一个medianVal 的子程序，对任意大小的数字数组求其中位数（中值）并打印输 出。 测试的数组：@array = (5, 101, 99, 60, 55, 18, 9) 提示：编写一个sub medianVal{}的子程序，利用sort函数对数组 排序，然后取位于中间的值作为中值。 输入：数字数组 输出：打印输出中值（55）

sub midianval{

my @list = sort{$a<=>$b} @\_;

my $count = scalar@list;

if(($count%2)==1)

{

printf$list[($count-1)/2],"\n";

}

elsif(($count%2)==0)

{

my$a=($list[($count-1) /2] + $list [($count) /2])/2;

printf $a,"\n";

}

}

@array = (5, 101, 99, 60, 18,9，55);

&midianval(@array);

4编写一个Perl程序（程序名：sphw4.pl）,用open函数打开一个 tRNAseq.txt的输入文件,把输入文件的每一行加上“CCA”尾巴， 然后输出到一个 ccaTail.txt文件。 测试的文件： tRNA.txt 提示：open打开文件，while循环，chomp去掉换行符，把每行加 上“CCA”尾巴 输入：tRNA.txt 输出：open打开输出文件ccaTail.txt，把加上“CCA”尾巴的每行 输出到ccaTail.txt

open (FILE,"<C:/tRNAseq.txt");

open(OUTPUT, ">C:/ccaTail.txt");

while (my$line=<FILE>)

{

chomp($line);

print OUTPUT$line."CCA", "\n";

}

close(FILE);

close(OUTPUT);