1. 编写一个Perl程序（程序名：ophw1.pl）,对一个给定的mRNA序列判断是 否具有至少6个和最多26个CAG的字符串重复，输出CAG的个数。测试的 mRNA序列： CCTCAAGTCCTTCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCA GCGGCCCGGCTGTGGCTGA， 提示：可用正则表达式的量词和圆括号捕获变量和length等编写一个名为 findCAG的子程序。 子程序输入：mRNA序列， 输出：CAG的个数

use strict;

use warnings;

my$rna="CCTCAAGTCCTTCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCGGCCCGGCTGTGGCTGA";

my$pd="CAG";

my $a= ($rna=~s/$pd/3/g);

print$a,"\n";

if($rna =~ /$pd{6,26}/)

{

print "exist","\n";

}

else

{

print "no","\n";

}

1. 编写一个Perl程序（程序名： ophw2.pl ）打开和读取 mirGeneExp.txt文件判断miRNA的表达值（第二列），输出表达 值大于5.0的miRNA名字和表达值到文件highExpGene.txt里。 提示：可用open、while、正则表达式或split等编写一个名为 findExp的子程序。 子程序输入：mirGeneExp.txt 输出：表达值大于5.0的miRNA名字和表达值（第一列和第二列） 到文件highExpGene.txt里

use strict;

use warnings;

my$file="D:/mirGeneExp.txt";

my $outfile="D:/high.txt";

sub findexp

{

open(gene,">$file")||die "wrong";

while (my$line=<gene>)

{

chomp$line;

my @eachline = split/\t/,$line;

if($eachline[1]>5.0)

{

open(OUTPUT,">>$outfile")|| die "wrong 2";

print OUTPUT $eachline[0],"\t",$eachline[1],"\t"

}

}

}

close(gene);

close(OUTPUT);