Homework4 Perl 高级语法（2）

# 【实验目的】

理解如何以子程序小代码块为基本方式构建程序，掌握新建子程序方法，掌握顺序存取和随机存取两种文件处理机制，掌握文件和目录操作。

# 【实验内容】

1. 输入一组数字，求这组数字的平均值、中值和标准偏差。子程序 1 计算平均值；子程序 2 计算中值，中值是一组数字排序时位于中间的这个数字的值，如果数字的个数是偶数，则中值是位于中间的两个数字的平均值；程序 3 计算标准偏差，标准偏差为平均值减每个数字的平方和除以数字的个数减 1， 然后求它的平方根。
2. 下载data\_for\_homework4.txt 文件，将该文件中的蛋白质序列片段行提取出来写入 subseqset.txt 文件，并将 subseqset.txt 文件中的序列按照 5 位正交编码方法进行编码，将编码后的数据写入orthdata.txt 文件中。5 位正交编码是指将 20 种氨基酸各自以 5 位二进制数来表示，如 A 编码为00000 ， C编码为00001 ， …… 以 此 类 推 ， 则 序 列 片段ACLKRASFAKSVIGTPEFMAP 的正交编码为 0000000001……..
3. 下载data2\_for\_homework4.txt 文件，将该文件中的第10行后的内容删除，并显示删除之后的文件内容，将第3行数据中的值 1515 改为 3030，显示修改后的文件内容。程序代码存为 exercise4\_3.pl，并在命令行下输入：

#perl exercise4\_3.pl 10 3

命令行下的 10 为要删除的记录标志，3 为修改记录的标志。分别表示将第10行 后的记录删除，修改第3行中的值。