训练集和测试集为多个基因donor剪接位点信息，其中括号中为donor剪接位点的序列位置，熟悉两个文件并学习使用两种算法进行预测分析。

1.熟悉贝叶斯模型，使用WAM算法对donor位点进行预测。

* 1. 选用合适的阈值，进行预测，计算sn和sp值
  2. 选用多个阈值进行计算，绘制sn和sp曲线，查看最好的阈值取值

1. 使用SVM方法对训练集和测试机进行预测，计算出sn和sp值