

Content

1. Bioinformatics databases (5')
2. Sequence alignment and database searching (60')
3. Phylogenetic tree and multiple sequence alignment (15')
4. Protein structure alignment (10')
5. Protein secondary & tertiary structure prediction(10')

1. Bioinformatics databases (5')

- 中心法则
- 有哪些重要的核酸及蛋白质数据库?
- 蛋白质一级、二级、三级、四级结构分别是什么?

2. Sequence alignment and database searching (60')

- PAM与BLOSUM矩阵的公式异同
- 提供打分方法，手动做动态规划算法（见作业）
- Dumas-Ninio look-up table
- FASTA、BLAST、PSI-BLAST的基本思想和异同

3. Phylogenetic tree and multiple sequence alignment (15')

- UPGMA算法
- CLUSTAL W算法
- Henikoff-Henikoff 权重
- Profile打分公式的推导 (见作业)

4. Protein structure alignment (10')

- Structure superposition 与 Structure alignment的区别
- RMSD与TM-score的定义及各自优缺点

5. Protein secondary & tertiary structure prediction (10')

- 机器学习方法的基本框架
- PSI-PRED的基本步骤
- 蛋白质三级结构预测的两类方法，各自的优缺点