

# RNA 的结合位点

2023-12-15

LiChuang Huang



@ 立效研究院

## Contents

<b>1</b>	<b>摘要</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>前言</b>	<b>1</b>
<b>3</b>	<b>材料和方法</b>	<b>1</b>
3.1	材料 . . . . .	1
3.2	方法 . . . . .	1
<b>4</b>	<b>分析结果</b>	<b>1</b>
<b>5</b>	<b>结论</b>	<b>1</b>
<b>6</b>	<b>附：分析流程</b>	<b>1</b>
6.1	circRNA 结合 miRNA . . . . .	1
6.1.1	使用的序列 (Fasta) . . . . .	1
6.1.2	预测结果 . . . . .	1
6.2	miRNA 结合 mRNA . . . . .	2
6.2.1	使用的序列 (Fasta) . . . . .	2
6.2.2	预测结果 . . . . .	3
	<b>Reference</b>	<b>3</b>

## List of Figures

1	MiRNA bind circRNA overview of all candidates . . . . .	2
2	MiRNA bind circRNA circRNA6783 Top match . . . . .	2
3	MiRNA bind mRNA overview of all candidates . . . . .	3
4	MiRNA bind mRNA VRK2 Top match . . . . .	3

## List of Tables

## 1 摘要

寻找 circRNA6783 与 miR-770-5p 的结合靶点，miR-770-5p 与 VRK2 的结合靶点结果见 6.2.2 和 6.1.2。

## 2 前言

## 3 材料和方法

### 3.1 材料

All used GEO expression data and their design:

### 3.2 方法

Mainly used method:

- RNAhybrid used as a means for microRNA target prediction (circRNA-miRNA) and circBase used for querying circRNA sequences.<sup>1,2</sup>
- The tool of miRanda used for predicting mRNA targets for microRNAs (miRNA) and miRBase used for getting sequence of miRNA.<sup>3,4</sup>
- Other R packages (eg., dplyr and ggplot2) used for statistic analysis or data visualization.

## 4 分析结果

## 5 结论

## 6 附：分析流程

### 6.1 circRNA 结合 miRNA

#### 6.1.1 使用的序列 (Fasta)

‘Unnamed chunk 9’ 数据已全部提供。

(对应文件为 ./hybrid2023-12-15\_13\_44\_36.17879/)

注：文件夹./hybrid2023-12-15\_13\_44\_36.17879/共包含 3 个文件。

1. circRNA6783.fa
2. hsa.miR.770.5p.MIMAT0003948.Homo.sapiens.miR.770.5p.fa
3. results.txt

#### 6.1.2 预测结果

<https://github.com/annadalmolin/CRAFT>

Figure 1 (下方图) 为图 MiRNA bind circRNA overview of all candidates 概览。

(对应文件为 Figure+Table/MiRNA-bind-circRNA-overview-of-all-candidates.pdf)

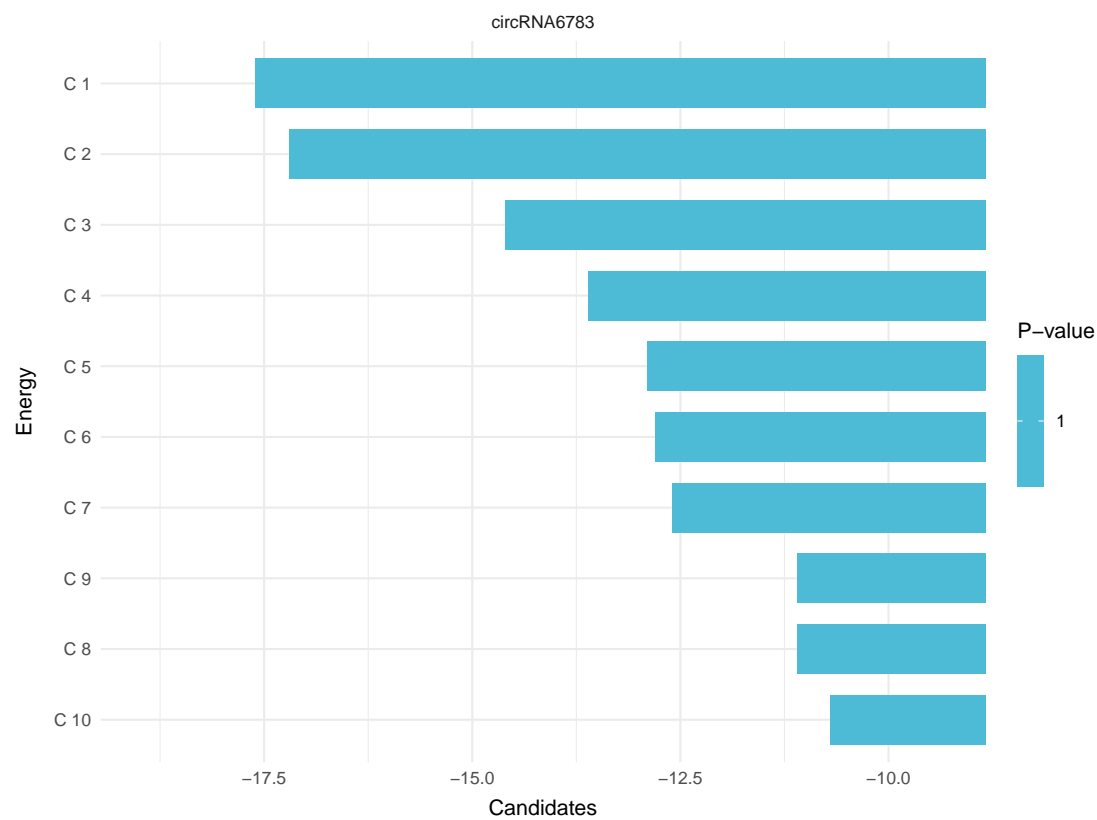


Figure 1: MiRNA bind circRNA overview of all candidates

Figure 2 (下方图) 为图 MiRNA bind circRNA circRNA6783 Top match 概览。

(对应文件为 Figure+Table/MiRNA-bind-circRNA-circRNA6783-Top-match.pdf)

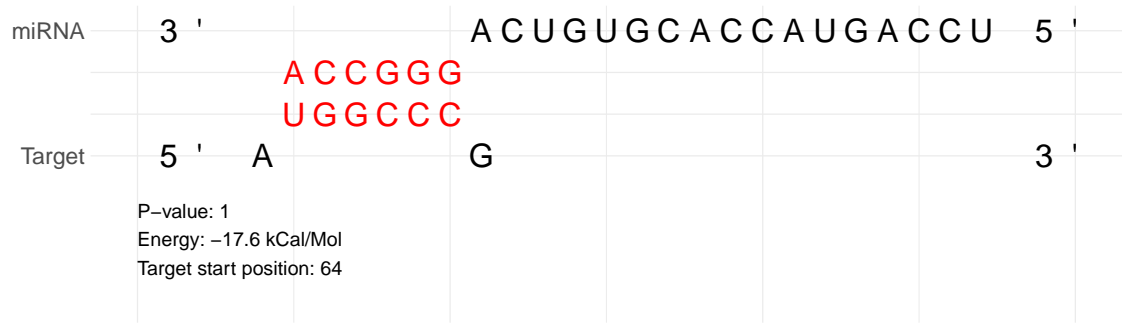


Figure 2: MiRNA bind circRNA circRNA6783 Top match

## 6.2 miRNA 结合 mRNA

### 6.2.1 使用的序列 (Fasta)

‘Unnamed chunk 13’ 数据已全部提供。

(对应文件为 ./miranda2023-12-15\_13\_46\_55.200401)

注：文件夹./miranda2023-12-15\_13\_46\_55.200401 共包含 3 个文件。

1. hsa.miR.770.5p.MIMAT0003948.Homo.sapiens.miR.770.5p.fa
2. results.txt
3. rna\_1.fasta

### 6.2.2 预测结果

Figure 3 (下方图) 为图 MiRNA bind mRNA overview of all candidates 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/MiRNA-bind-mRNA-overview-of-all-candidates.pdf`)

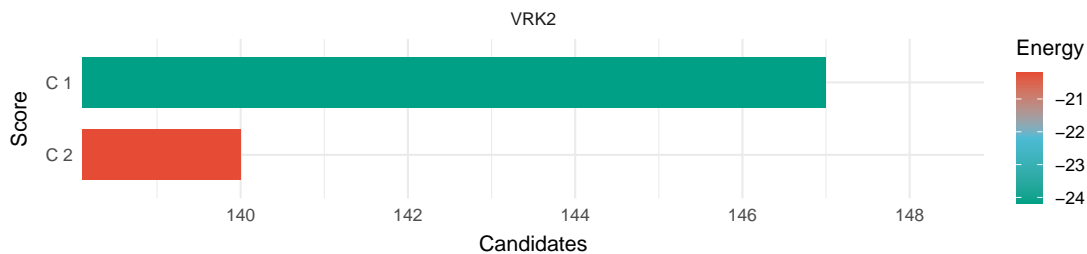


Figure 3: MiRNA bind mRNA overview of all candidates

Figure 4 (下方图) 为图 MiRNA bind mRNA VRK2 Top match 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/MiRNA-bind-mRNA-VRK2-Top-match.pdf`)

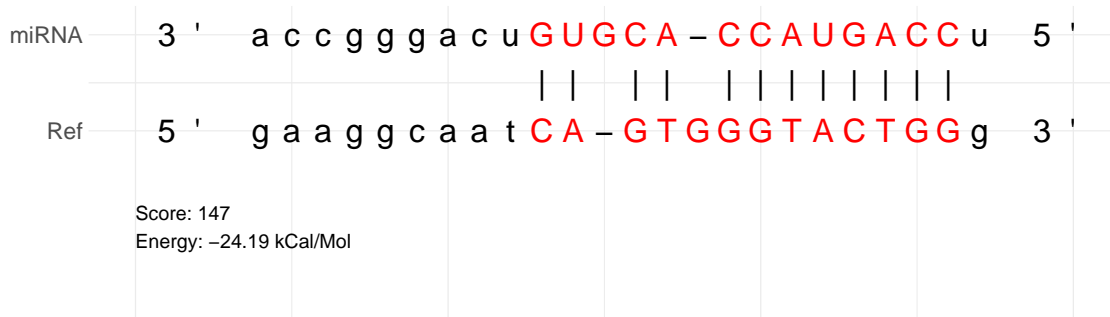


Figure 4: MiRNA bind mRNA VRK2 Top match

## Reference

1. REHMSMEIER, M., STEFFEN, P., HÖCHSMANN, M. & GIEGERICH, R. Fast and effective prediction of microRNA/target duplexes. *RNA* **10**, (2004).
2. Glažar, P., Papavasileiou, P. & Rajewsky, N. CircBase: A database for circular rnas. *RNA* **20**, (2014).
3. Enright, A. J. *et al.* *Genome Biology* **5**, R1 (2003).
4. Kozomara, A., Birgaoanu, M. & Griffiths-Jones, S. MiRBase: From microRNA sequences to function. *Nucleic acids research* **47**, D155–D162 (2019).