

Evaluation of Analysis

Huang LiChuang of Wie-Biotech

Contents

1 分析内容评估	1
2 分析结果	1
Reference	1

List of Figures

List of Tables

1 分析内容评估

筛出（瘢痕增生）能够与 TCF-AS1 结合又能与 TCF4 结合的 RNA 结合蛋白，关于预期结果和交付内容的补充：

1. 初步处理客户提供的数据（由于客户未提供数据，情况不明）。
2. 使用客户提供的数据筛选基因（预计使用 WGCNA¹ 的方法，但客户未提供数据，情况不明），与 TCF4-AS1 lncRNA 和 TCF4mRNA 具有共表达关系。若使用 WGCNA 分析，将得到相关分析结果的可视化图和表格（请参考 ??）。
3. 视情况选择合适的预测工具²⁻⁵，预测蛋白和 RNA 的结合程度，并可视化为图表。
4. 最后整理成完整分析报告（形式为本 pdf 文档），并附上上述分析的图表信息，参考文献等。

2 分析结果

Reference

1. Langfelder, P. & Horvath, S. WGCNA: An r package for weighted correlation network analysis. *BMC Bioinformatics* **9**, (2008).
2. Armaos, A., Colantoni, A., Proietti, G., Rupert, J. & Tartaglia, G. G. *cat*/RAPID*omics* v2.0: Going deeper and wider in the prediction of proteinRNA interactions. *Nucleic Acids Research*

49, (2021).

3. Peng, X. *et al.* RBP-tstl is a two-stage transfer learning framework for genome-scale prediction of rna-binding proteins. *Briefings in Bioinformatics* **23**, (2022).

4. Su, Y., Luo, Y., Zhao, X., Liu, Y. & Peng, J. Integrating thermodynamic and sequence contexts improves protein-rna binding prediction. *PLOS Computational Biology* **15**, (2019).

5. Orenstein, Y., Wang, Y. & Berger, B. RCK: Accurate and efficient inference of sequence- and structure-based proteinRNA binding models from rnacompete data. *Bioinformatics* **32**, (2016).