# Article information:

Machine Learning Based Network Analysis Determined Clinically Relevant miRNAs in Breast Cancer - PMC  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7689188/>

# Article summary:

1. 通过机器学习网络分析确定了在乳腺癌中具有临床意义的miRNA。

2. 预测了90个乳腺癌风险miRNA，并发现它们与免疫细胞浸润和抗癌药物反应相关。

3. 这些风险miRNA和其邻居基因可作为免疫治疗或靶向治疗乳腺癌患者的生物标志物。

# Article rating:

Appears moderately imbalanced: The article provides some useful information, but is missing several important points or pieces of evidence that would be required to present the discussed topics in a balanced and reliable way. You are encouraged to seek a more balanced perspective on the presented issues by exploring the provided research topics and looking at different information sources.

# Article analysis:

该文章是一篇关于利用机器学习进行网络分析，确定在乳腺癌中具有临床意义的miRNA的研究。文章提出了一个新的方法来计算miRNA与靶基因之间的关系，并构建了一个被称为“dysregulated miRNA target network”的网络，以预测乳腺癌风险miRNA。然而，该文章存在以下几个问题：

1. 偏见来源：文章没有明确说明数据来源和样本选择过程，可能存在样本偏差或选择性偏见。

2. 片面报道：文章只关注了miRNA与靶基因之间的关系，忽略了其他可能影响乳腺癌发展的因素。

3. 无根据主张：文章声称预测到90个乳腺癌风险miRNA，并将其与差异miRNA、癌相关基因和housekeeping基因显著重叠。然而，作者并未提供足够的证据来支持这些主张。

4. 缺失考虑点：文章没有考虑到不同亚型乳腺癌之间可能存在的差异性，并且没有对结果进行验证或外部验证。

5. 主张缺失证据：文章声称预测到的风险miRNA可以作为免疫细胞浸润和抗癌药物反应的生物标志物，但作者并未提供足够的证据来支持这些主张。

6. 未探索反驳：文章没有探讨其他可能解释结果的因素，并且没有对研究结果进行深入分析或讨论。

7. 宣传内容：文章过于强调预测到的miRNA与乳腺癌发展之间的关系，而忽略了其他可能影响乳腺癌发展的因素。

综上所述，该文章存在一些潜在偏见和不足之处，需要更多证据和分析来支持其主张。

# Topics for further research:

* Data source and sample selection bias
* Other factors influencing breast cancer development
* Lack of evidence to support claims
* Differences between breast cancer subtypes and lack of validation
* Lack of evidence to support biomarker claims
* Failure to explore alternative explanations

# Report location:

<https://www.fullpicture.app/item/9ecd260ab2699e3ee32e814e058b8619>