



الله
يَعْلَمُ



Journal club





- جلسه‌ای علمی است که در آن دانشجویان، پژوهشگران یا متخصصان یک حوزه گرد هم می‌آیند تا یک مقاله علمی جدید را بررسی و تحلیل کنند.

اهداف اصلی ژورنال کلاب عبارتند از:



1. به روز ماندن با تحقیقات جدید: دنبال کردن آخرین پیشرفت‌ها در حوزه تخصصی.
2. تقویت تفکر انتقادی: ارزیابی طراحی مطالعه، روش‌ها، نتایج و نتیجه‌گیری مقاله.
3. بهبود مهارت‌های علمی و ارائه: تمرین ارائه علمی و بحث درباره یافته‌ها.
4. تقویت یادگیری گروهی و تبادل ایده‌ها: بحث و گفت‌و‌گو با همکاران و همتیمی‌ها.





در یک جلسه ژورنال کلاب :

Journal Club

Connecting Research to Practice



- معمولاً یک نفر مقاله انتخاب شده را ارائه می دهد،
- نکات کلیدی آن را خلاصه می کند،
- نقاط قوت و ضعف را بررسی می کند
- بحث گروهی درباره اهمیت، محدودیت ها و کاربردهای مقاله انجام می شود.



ساختار استاندارد



ساختار استاندارد یک ارائه ژورنال کلاب معمولاً شامل بخش‌های زیر است:



1. عنوان و معرفی مقاله

1. ذکر نام مقاله، نویسنندگان، سال انتشار و مجله.

2. بیان مختصر موضوع و اهمیت مقاله در حوزه تحقیقاتی.

2. پس زمینه و سوال تحقیق

1. توضیح مشکل یا سوال علمی که مقاله به آن پرداخته است.

2. معرفی پیشینه علمی مرتبط و دلیل انتخاب این مطالعه.

3. روش‌ها (Methods)

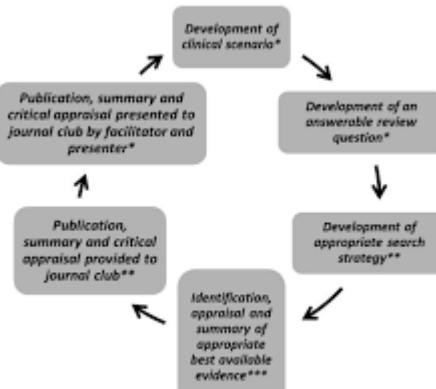
1. شرح طراحی مطالعه، نمونه‌ها، داده‌ها و ابزارهای مورد استفاده.

2. ذکر تکنیک‌ها، الگوریتم‌ها یا آزمایش‌های کلیدی (در صورت مقاله تجربی یا محاسباتی).

4. نتایج (Results)

1. ارائه یافته‌های اصلی مقاله با نمودار، جدول و شکل‌های مهم.

2. تأکید بر نتایج کلیدی که پاسخ به سوال تحقیق را روشن می‌کنند..





5. بحث و تحلیل (Discussion & Critical Analysis)

1. تحلیل نقاط قوت و ضعف مقاله.
2. بررسی محدودیت‌ها و اعتبار نتایج.
3. مقایسه با سایر مطالعات مرتبط و بحث درباره اهمیت یافته‌ها.

6. نتیجه‌گیری (Conclusion)

1. جمع‌بندی اصلی‌ترین پیام مقاله.
2. پیشنهادات برای تحقیقات آینده یا کاربردهای عملی.

7. سوالات و بحث گروهی

1. باز کردن فضای بحث برای پرسش، نقد و تبادل نظر بین شرکت‌کنندگان



End of Part 1

مقاله



به عنوان یکی از ابزارهای ارتباطی و علمی، به متنی منسجم و سازمان یافته اطلاق می‌شود که به منظور

بیان اطلاعات، ایده‌ها، تحلیل‌ها یا نتایج پژوهش‌ها در یک زمینه خاص نوشته می‌شود.

مقالات به گونه‌ای تنظیم می‌شوند که مخاطب را با موضوعی خاص آشنا کنند، به او کمک کنند تا

دانش خود را افزایش دهد یا به نتیجه‌گیری‌های جدیدی برسد.

انواع مقاله



.1. مقاله علمی

.2. مقاله موری

.3. مقاله تحلیلی

.4. مقاله توصیفی

.5. مقاله نظری

.6. مقاله خبری

.7. مقاله نقدی

.8. مقاله تبلیغاتی

مقاله علمی

تعریف:

مقاله‌ای است که نتایج یک پژوهش علمی را به صورت سیستماتیک و دقیق ارائه می‌دهد. این مقاله‌ها عموماً در

مجلات علمی منتشر می‌شوند.

ویرگی‌ها:

دارای ساختار مشخص شامل چکیده Abstract، مقدمه Introduction، روش‌شناسی Methodology

نتایج Results، بحث و نتیجه‌گیری Discussion & Conclusion.

استناد به منابع معتبر و استفاده از روش‌های علمی برای جمع‌آوری و تحلیل داده‌ها.

مخاطبان: دانشمندان، پژوهشگران و متخصصان حوزه مربوطه.

تفاوت با سایر مقاله‌ها:

مقاله علمی بیشتر بر ارائه داده‌ها و نتایج تحقیقاتی تمرکز دارد و به صورت دقیق و قابل تکرار نوشته می‌شود.



مقاله موروری



تعریف:

مقالاتی است که به بررسی و جمع‌بندی تحقیقات قبلی در یک زمینه خاص می‌پردازد.

ویژگی‌ها:

شامل مطالعه و تحلیل مقالات منتشر شده در یک حوزه خاص.

عدم انجام تحقیق مستقل، بلکه ارائه نقد و بررسی نتایج پژوهش‌های قبلی.

مخاطبان: پژوهشگران و دانشجویانی که به دنبال درک کلی از یک موضوع هستند.

تفاوت با مقاله علمی:

مقاله موروری بیشتر به جمع‌بندی و تحلیل تحقیقات موجود می‌پردازد و نتایج تحقیق جدیدی را ارائه نمی‌دهد.



- A deep learning-based framework for predicting survival-associated groups in colon cancer by integrating multi-omics and clinical data .
- DOI: [10.1016/j.heliyon.2023.e17653](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e17653)
- **Rationing of nursing care, a deviation from holistic nursing: A systematic review**
DOI: [10.1111/nup.12257 \(2020 \)](https://doi.org/10.1111/nup.12257)
- **LncRNA SNHG8 promotes myocardial fibrosis by binding to E2F1 to induce MAD2L1 transcription**
[https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2025.148362 \(2025 \)](https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2025.148362)

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037026931200857X>



A deep learning-based framework for predicting survival-associated groups in colon cancer by integrating multi-omics and clinical data

Siamak Salimy^a, Hossein Lanjanian^b, Karim Abbasi^c, Mahdieh Salimi^d, Ali Najafi^e, Leili Tapak^f, Ali Masoudi-Nejad^{a,*}

^a Laboratory of System Biology and Bioinformatics (LBB), Department of Bioinformatics, University of Tehran, Kish International Campus, Kish, Iran

^b Cellular and Molecular Endocrine Research Center, Research Institute for Endocrine Sciences, Shahid Beheshti University of Medical Sciences, Tehran, Iran

^c Laboratory of System Biology, Bioinformatics & Artificial Intelligent in Medicine (LBBAI), Faculty of Mathematics and Computer Science, Kharasmi University, Tehran, Iran

^d Department of Medical Genetics, Institute of Medical Biotechnology, National Institute of Genetic Engineering and Biotechnology (NIGEB), Tehran, Iran

^e Molecular Biology Research Center, Systems Biology and Poisonings Institute, Tehran, Iran

^f Department of Biostatistics, School of Public Health and Modeling of Noncommunicable Diseases Research Center, Hamadan University of Medical Sciences, Hamadan, Iran

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Precise prognostic classification of patients and identifying survival subgroups and their associated genes can be important clinical references when designing treatment strategies for cancer patients. Multi-omics and data integration techniques are powerful tools to achieve this goal. This study aimed to introduce a machine learning method to integrate three types of biological data, and investigate the performance of two other methods, in identifying the survival dependency of patients. The data included TCGA RNA-seq gene expression, DNA methylation, and clinical data from 368 patients with colon cancer also we use an independent external validation data set, containing 232 samples. Three methods including, hyper-parameter optimized autoencoders (HPOAE), normal autoencoder, and penalized principal component analysis (PPCA) were used for simultaneous data integration and estimation under a COX hazards model. The HPOAE was thought to outperform other methods. The HPOAE had the Log Rank Mantel-Cox value of 14.27 ± 2 , and a Breslow-Generalized Wilcoxon value of 13.13 ± 1 . Ten miRNA, 11 methylated genes, and 28 mRNA all by (importance of marginal cutoff > 0.95) were identified. The study demonstrated that hsa-miR-485-5p targets both ZMYM1 and tp53, the latter of which has been previously associated with cancer in numerous studies. Furthermore, compared to other methods, the HPOAE exhibited a greater capacity for identifying survival subgroups and the genes associated with them in patients with colon cancer. However, all of the results were obtained by computational methods, and clinical and experimental studies are needed to validate these results.

* Corresponding author. Laboratory of Systems Biology and Bioinformatics (LBB) Institute of Biochemistry and Biophysics University of Tehran, Tehran, Iran.

E-mail address: amasoudin@ut.ac.ir (A. Masoudi-Nejad).

¹ WWW:<http://LBB.ut.ac.ir>.

A systematic literature review of data science, data analytics and machine learning applied to healthcare engineering systems

Roberto Salazar-Reyna and Fernando Gonzalez-Aleu

Department of Engineering, Universidad de Monterrey, San Pedro Garza Garcia, Mexico

Edgar M.A. Granda-Gutierrez

Graduate School of Engineering and Technology, Universidad de Monterrey,
San Pedro Garza Garcia, Mexico

Jenny Diaz-Ramirez

Department of Engineering, Universidad de Monterrey, San Pedro Garza Garcia, Mexico

Jose Arturo Garza-Reyes

Centre for Supply Chain Improvement, University of Derby, Derby, UK, and
Anil Kumar

Guildhall School of Business and Law, London Metropolitan University, London, UK

Abstract

Purpose – The objective of this paper is to assess and synthesize the published literature related to the application of data analytics, big data, data mining and machine learning to healthcare engineering systems.
Design/methodology/approach – A systematic literature review (SLR) was conducted to obtain the most relevant papers related to the research study from three different platforms: EBSCOhost, ProQuest and Scopus. The literature was assessed and synthesized, conducting analysis associated with the publications, authors and content.

Findings – From the SLR, 576 publications were identified and analyzed. The research area seems to show the characteristics of a growing field with new research areas evolving and applications being explored. In addition, the main authors and collaboration groups publishing in this research area were identified throughout a social network analysis. This could lead new and current authors to identify researchers with common interests on the field.

Research limitations/implications – The use of the SLR methodology does not guarantee that all relevant publications related to the research are covered and analyzed. However, the authors' previous knowledge and the nature of the publications were used to select different platforms.

Originality/value – To the best of the authors' knowledge, this paper represents the most comprehensive literature-based study on the fields of data analytics, big data, data mining and machine learning applied to healthcare engineering systems.

Keywords Data analytics, Big data, Machine learning, Healthcare systems, Systematic literature review

Paper type Literature review

1. Introduction

Data science is a “set of fundamental principles that support and guide the principled extraction of information and knowledge from data” (Provost and Fawcett, 2013). It involves the use and development of algorithms, processes, methodologies and techniques for understanding past, present and future phenomena through the analysis of data to improve decision-making. Data scientists and data analytics must be able to view business problems from a data perspective to be able to leverage the benefits of its application on the organization. The healthcare industry is one of the world's largest, most critical and fastest-growing industries that is evolving through significant challenges in recent times (Nambiar *et al.*, 2013).





Integrative Transcriptomic Profiling and Network-Based Analysis Reveal Disease-Specific and Shared Molecular Pathways Across Five Major Ocular Disorders

Articles in Press

Document Type : Original Article

Author

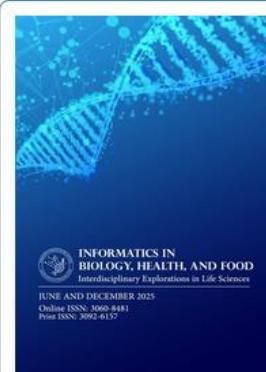
Siamak Salimy  

Department of Computer Engineering, National University of Skills (NUS), Tehran, Iran

 10.22034/ibhf.2025.556915.1041

Abstract

Ocular diseases constitute a heterogeneous group of conditions that collectively cause significant visual impairment and blindness. Despite advances in clinical diagnostics, the molecular mechanisms driving ocular pathology remain insufficiently understood. This study sought to systematically investigate transcriptional dysregulation across five distinct ocular disorders by integrating multi-cohort gene expression datasets. Five GEO microarray datasets, GSE137996 (Congenital Aniridia, n=12), GSE17549 (Choroideremia, n=14), GSE112201 (Corneal Dystrophy, n=20), GSE9944 (Glaucoma, n=10), and GSE29801 (Macular Degeneration, n=12) were processed using a standardized pipeline involving background correction, normalization, and gene-level filtering. Differential expression analysis was performed with Limma, and significance was determined using the Benjamini–Hochberg FDR correction, adjp-value < 0.05, and logFC threshold ($|\log_2\text{FC}| > 1$). Protein–protein interaction (PPI) networks were constructed using STRING and analyzed in Cytoscape, while GO and KEGG enrichment analyses were conducted using Enrichr. Distinct transcriptional signatures were identified across the five disorders, including 112 DEGs in congenital aniridia, 21 in choroideremia, 812 in corneal dystrophy, 32 in glaucoma, and 17 in macular degeneration. PPI networks revealed prominent disease-specific functional clusters, including developmental regulation in aniridia, retinal metabolic pathways in choroideremia, inflammatory and extracellular matrix remodeling pathways in corneal dystrophy, neurodegenerative processes in glaucoma, and oxidative stress responses in macular degeneration. Cross-dataset comparisons highlighted shared molecular themes, including immune activation, stress-response signaling, and cellular communication. This study provides a comprehensive molecular landscape for five major ocular disorders, paving the way for future therapeutic interventions.



Articles in Press,
Accepted Manuscript
Available Online from
05 December 2025

Files

XML

History

Share

How to cite

Statistics

Observation of a new particle in the search for the Standard Model Higgs boson with the ATLAS detector at the LHC[☆]

ATLAS Collaboration *

This paper is dedicated to the memory of our ATLAS colleagues who did not live to see the full impact and significance of their contributions to the experiment.

ARTICLE INFO

Article history

Received 31 July 2012
Received in revised form 8 August 2012
Accepted 11 August 2012
Available online 14 August 2012
Editor: W.-D. Schlatter

ABSTRACT

A search for the Standard Model Higgs boson in proton-proton collisions with the ATLAS detector at the LHC is presented. The datasets used correspond to integrated luminosities of approximately 4.8 fb^{-1} collected at $\sqrt{s} = 7 \text{ TeV}$ in 2011 and 5.8 fb^{-1} at $\sqrt{s} = 8 \text{ TeV}$ in 2012. Individual searches in the channels $H \rightarrow ZZ^{(*)} \rightarrow 4\ell$, $H \rightarrow \gamma\gamma$ and $H \rightarrow WW^{(*)} \rightarrow e\mu\nu\tau$ in the 8 TeV data are combined with previously published results of searches for $H \rightarrow ZZ^{(*)}$, $WW^{(*)}$, $b\bar{b}$ and $\tau^+\tau^-$ in the 7 TeV data and results from improved analyses of the $H \rightarrow ZZ^{(*)} \rightarrow 4\ell$ and $H \rightarrow \gamma\gamma$ channels in the 7 TeV data. Clear evidence for the production of a neutral boson with a measured mass of $126.0 \pm 0.4 \text{ (stat)} \pm 0.4 \text{ (sys)} \text{ GeV}$ is presented. This observation, which has a significance of 5.9 standard deviations, corresponding to a background fluctuation probability of 1.7×10^{-9} , is compatible with the production and decay of the Standard Model Higgs boson.

1. Introduction

The Standard Model (SM) of particle physics [1–4] has been tested by many experiments over the last four decades and has been shown to successfully describe high energy particle interactions. However, the mechanism that breaks electroweak symmetry in the SM has not been verified experimentally. This mechanism [5–10], which gives mass to massive elementary particles, implies the existence of a scalar particle, the SM Higgs boson. The search for the Higgs boson, the only elementary particle in the SM that has not yet been observed, is one of the highlights of the Large Hadron Collider [11] (LHC) physics programme.

Indirect limits on the SM Higgs boson mass of $m_H < 158$ GeV at 95% confidence level (CL) have been set using global fits to precision electroweak results [12]. Direct searches at LEP [13], the Tevatron [14–16] and the LHC [17,18] have previously excluded, at 95% CL, a SM Higgs boson with mass below 600 GeV, apart from some mass regions between 116 GeV and 127 GeV.

Both the ATLAS and CMS Collaborations reported excesses of events in their 2011 datasets of proton–proton (pp) collisions at centre-of-mass energy $\sqrt{s} = 7$ TeV at the LHC, which were compatible with SM Higgs boson production and decay in the mass region 124–126 GeV, with significances of 2.9 and 3.1 standard deviations (σ), respectively [17,18]. The CDF and D $\bar{\nu}$ experiments at the Tevatron have also recently reported a broad excess in the mass region

120–135 GeV; using the existing LHC constraints, the observed local significances for $m_H = 125$ GeV are 2.7σ for CDF [14], 1.1σ for D0 [15] and 2.8σ for their combination [16].

The previous ATLAS searches in 4.6–4.8 fb⁻¹ of data at $\sqrt{s} = 7$ TeV are combined here with new searches for $H \rightarrow ZZ^{(*)} \rightarrow 4\ell$,¹ $H \rightarrow \gamma\gamma$ and $H \rightarrow WW^{(*)} \rightarrow e\nu\mu\nu$ in the 5.8–5.9 fb⁻¹ of pp collision data taken at $\sqrt{s} = 8$ TeV between April and June 2012.

The data were recorded with instantaneous luminosities up to $6.8 \times 10^{33} \text{ cm}^{-2}\text{s}^{-1}$; they are therefore affected by multiple pp collisions occurring in the same or neighbouring bunch crossings (pile-up). In the 7 TeV data, the average number of interactions per bunch crossing was approximately 10; the average increased to approximately 20 in the 8 TeV data. The reconstruction, identification and isolation criteria used for electrons and photons in the 8 TeV data are improved, making the $H \rightarrow ZZ^{(*)} \rightarrow 4e$ and $H \rightarrow \gamma\gamma$ searches more robust against the increased pile-up. These analyses were re-optimised with simulation and frozen before looking at the 8 TeV data.

In the $H \rightarrow W^{(*)} \rightarrow \ell\nu\bar{\nu}$ channel, the increased pile-up deteriorates the event missing transverse momentum, E_T^{miss} , resolution, which results in significantly larger Drell-Yan background in the same-flavour final states. Since the $e\mu$ channel provides most of the sensitivity of the search, only this final state is used in the analysis of the 8 TeV data. The kinematic region in which a SM Higgs boson with a mass between 110 GeV and 140 GeV is



End of Part 2



Contents lists available at [ScienceDirect](#)

Heliyon

journal homepage: www.cell.com/heliyon



A deep learning-based framework for predicting survival-associated groups in colon cancer by integrating multi-omics and clinical data

Siamak Salimy^a, Hossein Lanjanian^b, Karim Abbasi^c, Mahdieh Salimi^d, Ali Najafi^e, Leili Tapak^f, Ali Masoudi-Nejad^{a,*1}



A deep learning-based framework for predicting survival-associated groups in colon cancer by integrating multi-omics and clinical data

چارچوب یادگیری عمیق برای پیش‌بینی زیر‌گروه‌های بقا در سرطان روده

هدف و ضرورت تحقیق

- سرطان کولورکتال یکی از شایع‌ترین و مرگبارترین سرطان‌هاست.
- دسته‌بندی دقیق بیماران از نظر پیش‌آگهی، برای طراحی استراتژی‌های درمانی مناسب حیاتی است.
- این مطالعه با هدف غلبه بر محدودیت‌های روش‌های قبلي (مانند عدم بهینه‌سازی پارامترها)، یک روش یادگیری ماشین قدرتمند برای ادغام داده‌های multi-omics و شناسایی زیرگروه‌های وابسته به بقا ارائه می‌کند.



Absolute numbers, Mortality, Both sexes, in 2022

Africa + Latin America and the Caribbean

Breast
151 128 (10.0%)

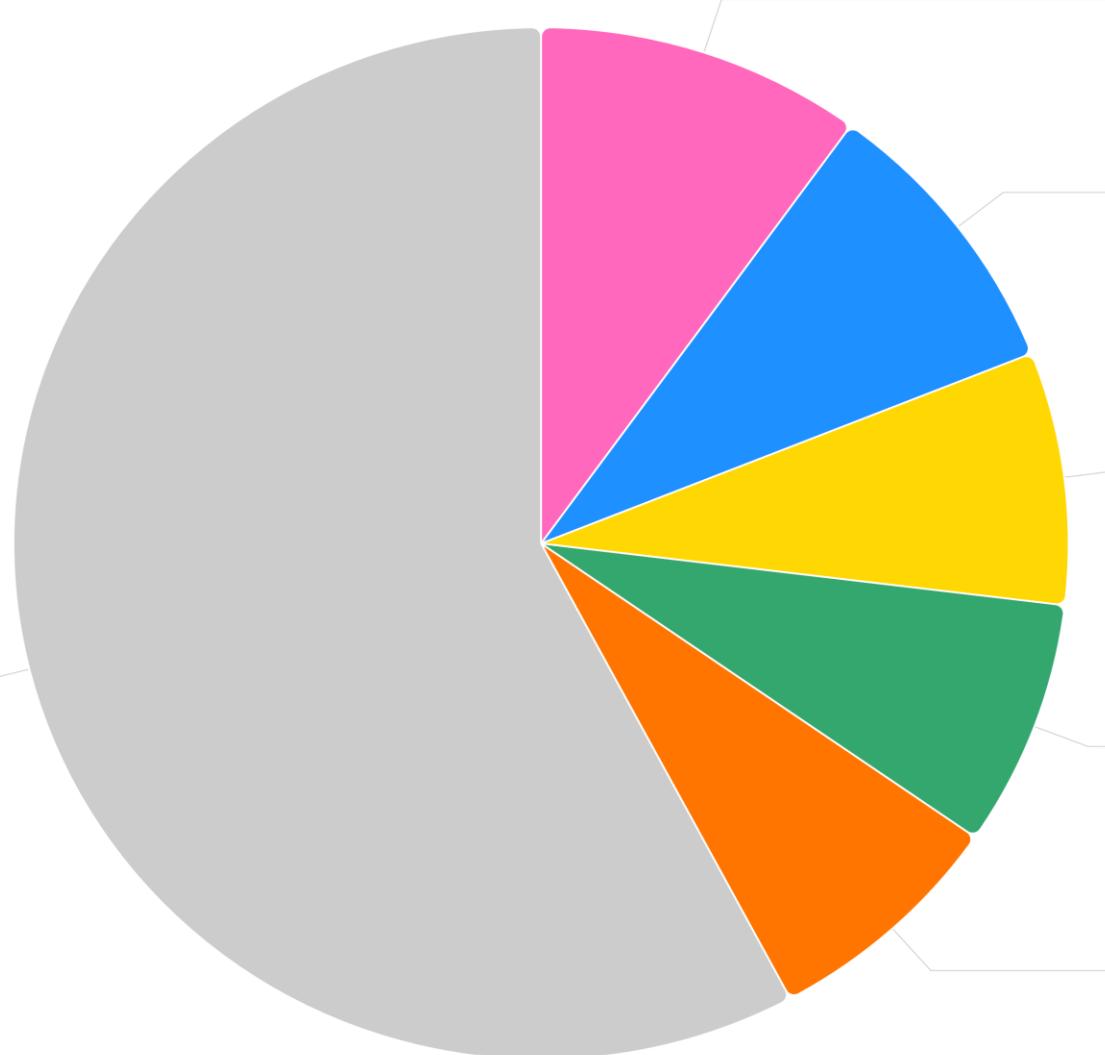
Lung
136 310 (9.0%)

Colorectum
119 734 (7.9%)

Prostate
116 800 (7.7%)

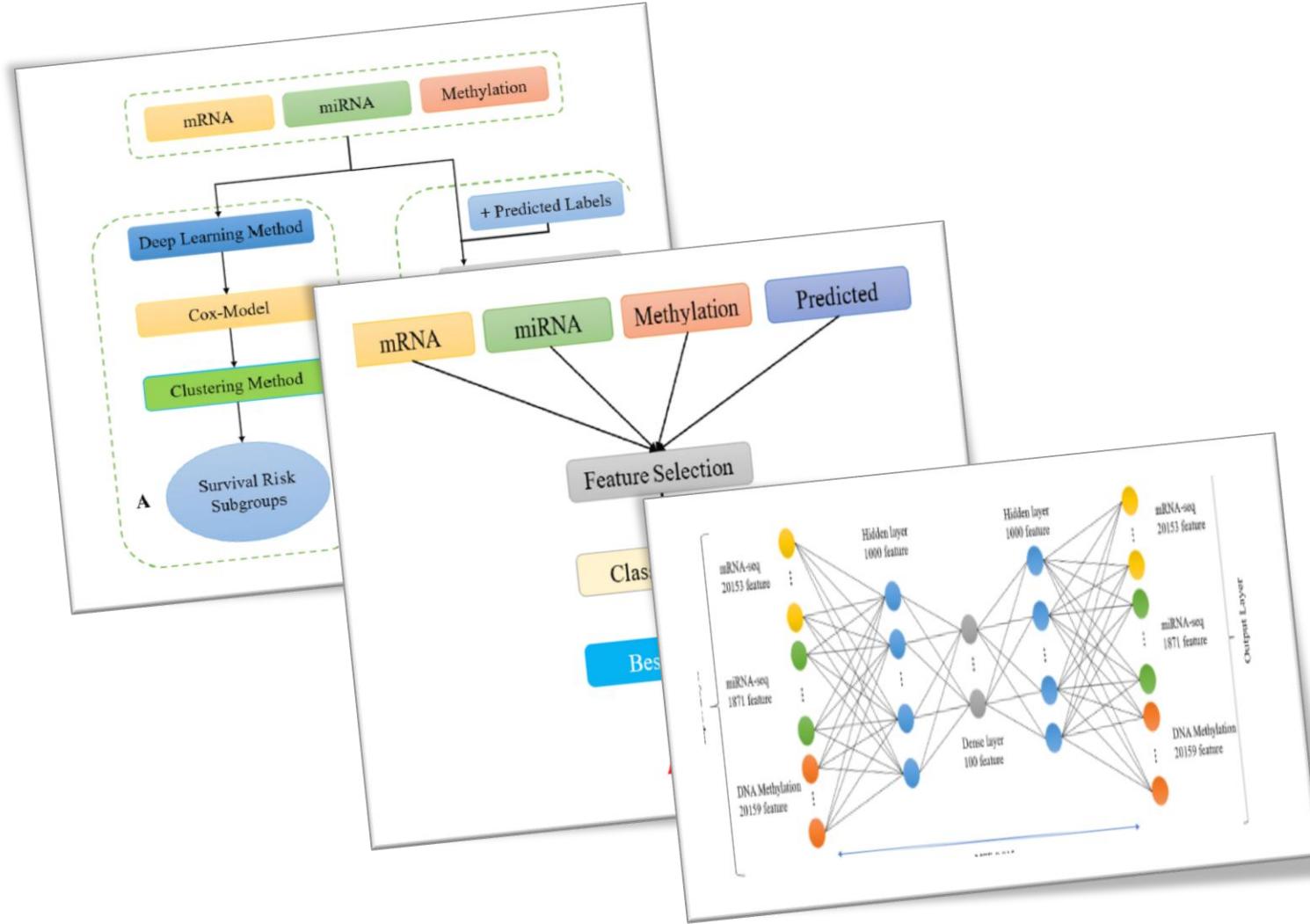
Cervix uteri
114 128 (7.5%)

Others
874 985 (57.8%)



Total : 1 513 085

روش‌شناسی و نوآوری‌ها



1. داده‌ها

2. چارچوب یادگیری عمیق بهینه‌شده

3. مقایسه روش‌ها

1. اتوانکودر معمولی (بدون بهینه‌سازی)

2. تحلیل مؤلفه اصلی PCA

4. تحلیل بقا و تشکیل زیرگروه

5. روش نظارت شده و شناسایی بیومار کر

6. پلتفرم آنلاین

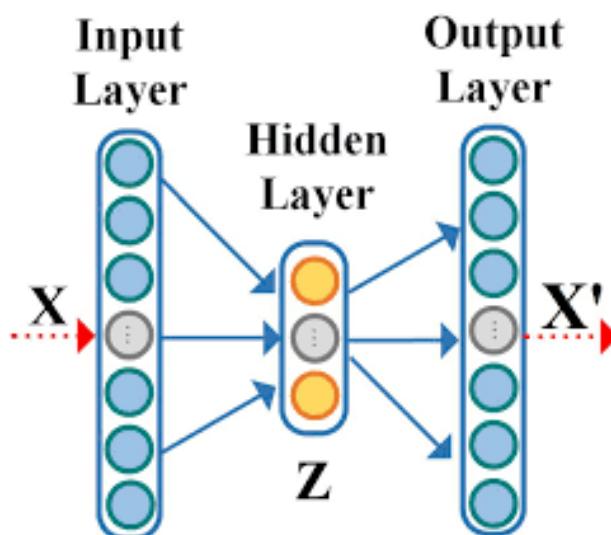
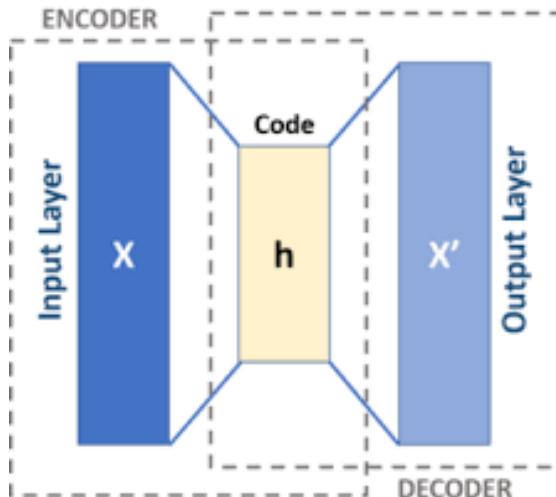
داده‌ها



1. داده‌ها: از پایگاه داده TCGA
2. تعداد ۲۱۱ نمونه با داده‌های RNA-seq, miRNA-seq و متیلاسیون
3. یک مجموعه اعتبارسنجی خارجی E-GEOD-17538 با ۲۳۲ نمونه



چارچوب یادگیری عمیق



1. چارچوب یادگیری عمیق بهینه شده : نوآوری اصلی مقاله، استفاده از یک اتوانکودر عمیق با پارامترهای بهینه شده است.
2. برخلاف مطالعات مشابه که از پارامترهای ثابت استفاده می‌کنند، این تحقیق با بهینه‌سازی پارامترها (تابع فعال‌سازی، بهینه‌ساز، اندازه دسته) به کمترین خطای بازسازی 0.015 دست یافت.
3. این کار دقیق کاهش بعد و استخراج ویژگی‌های معنادار را به طور چشمگیری افزایش داد.

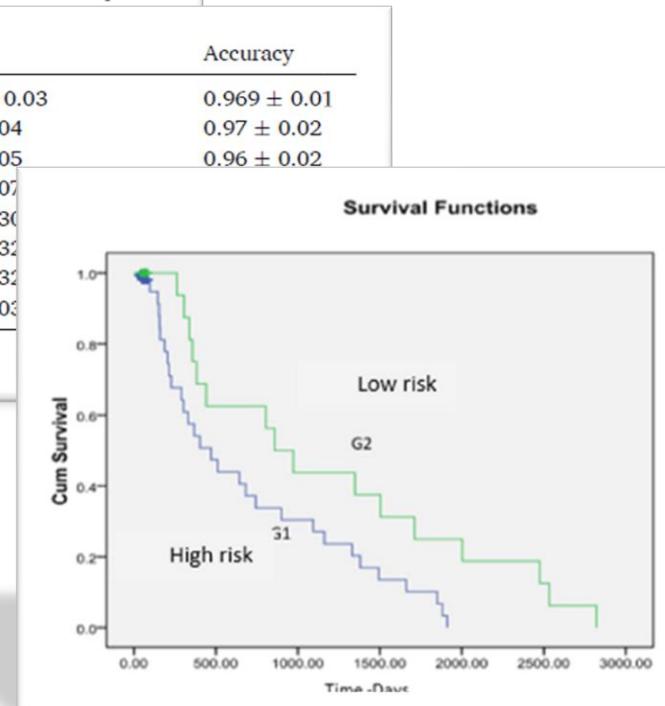
نتایج کلیدی



Table 3

The ML-Base features selected from multi-omics (mRNA, miRNA, Methylation) data.

mRNA	mRNA	miRNA		
ACTL10	KCNC1	hsa-miR-3130-5p		
ARSH	KCNV2	hsa-miR-3189-5p		
BORCS7	KNG1	hsa-miR-33b-3p		
CAMK2B	LBP	hsa-miR-34a-5p		
CCL24	LRRC69	hsa-miR-365b-5p		
CFAP52	NTN4	hsa-miR-3940-5p		
CYP11A1	PPM1D	hsa-miR-424-5p		
CYP46A1	RASSF4	hsa-miR-485-5p		
FAM1220				
FMO3	Precision	Recall	F1-score	Accuracy
FRA10A	0.978 ± 0.02	0.9375 ± 0.07	0.9375 ± 0.03	0.969 ± 0.01
HDGFL3	0.98 ± 0.02	0.94 ± 0.03	0.95 ± 0.04	0.97 ± 0.02
HLA-DQB1	0.96 ± 0.03	0.93 ± 0.09	0.94 ± 0.05	0.96 ± 0.02
	0.95 ± 0.04	0.88 ± 0.13	0.91 ± 0.07	
	0.56 ± 0.32	0.56 ± 0.32	0.55 ± 0.30	
	0.49 ± 0.31	0.50 ± 0.033	0.49 ± 0.32	
	0.51 ± 0.32	0.53 ± 0.35	0.51 ± 0.32	
	0.84 ± 0.12	0.85 ± 0.05	0.85 ± 0.03	



1. برتری HPOAE

2. شناسایی بیومارکرهای مهم

3. اعتبارسنجی خارجی

4. ثبات و قدرت مدل

برتری HPOAE



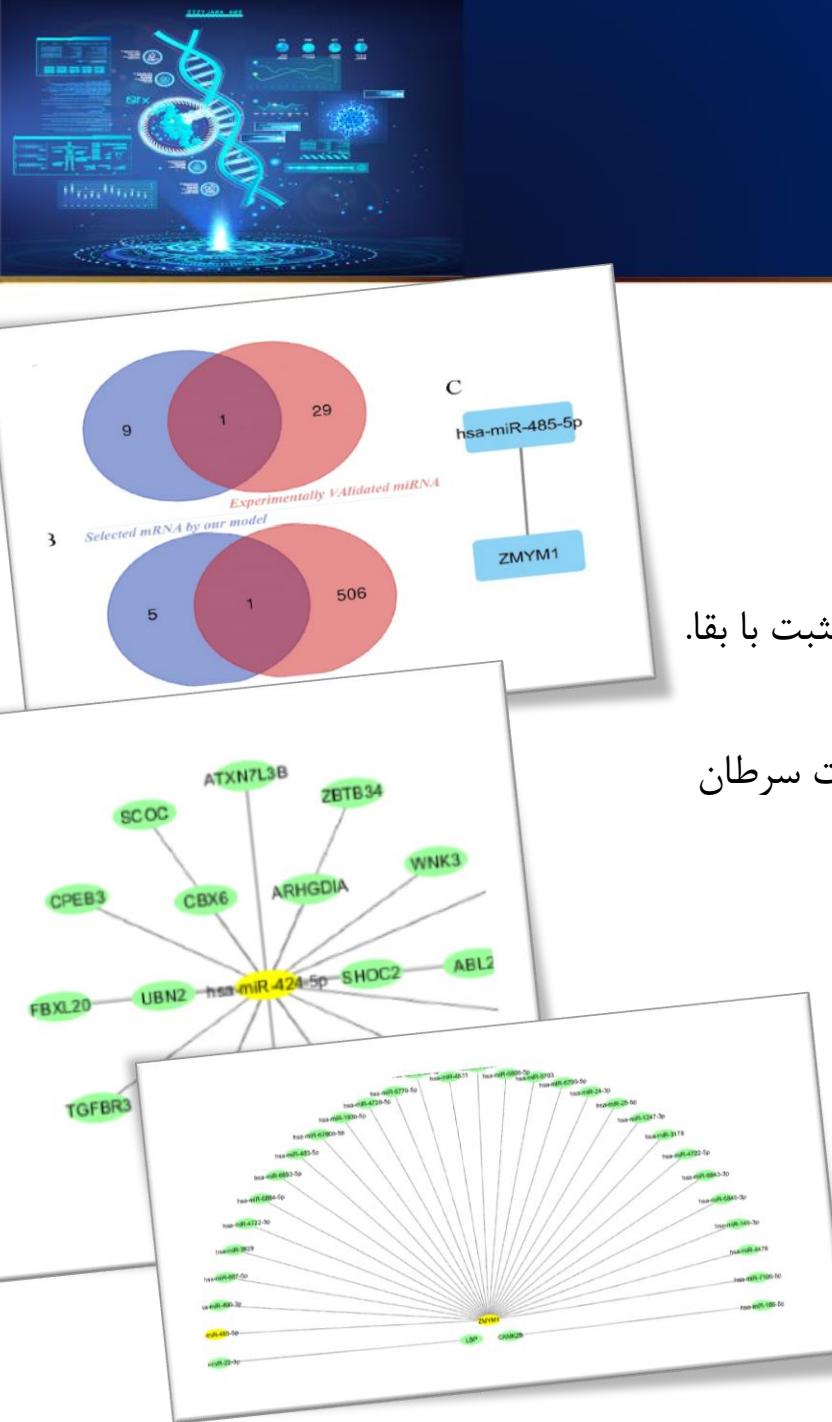
1. بهوضوح از سایر روش‌ها برتری داشت. این برتری با مقادیر بالاتر Breslow-Generalized Wilcoxon و Log Rank Mantel-Cox در مقایسه با اتوانکو در PPCA نشان داده شد.
2. این یافته‌ها نشان‌دهنده توانایی بسیار بالاتر HPOAE در تمایز بین گروه‌های بقا است.

Table 2

The comparison of the two base approaches includes penalized multivariate analysis and normal autoencoder with an optimized autoencoder. Optimized Autoencoder outperforms the other approaches.

Model	LogRank (Mantel-Cox) Chi-Square	Breslow (Generalized Wilcoxon) Chi-Square	Tarone-are Chi-Square	Sig
Optimized Auto encoder	14.272	12.012	13.131	0.001
Penalized Multivariate Analysis	9.914	2.105	5.761	0.002
Normal Autoencoder	8.375	2.743	4.49	0.004

شناسایی بیومارکرهای مهم



1. شناسایی بیومارکرهای مهم: این چارچوب، بیومارکرهای جدید و مهمی را شناسایی کرد:

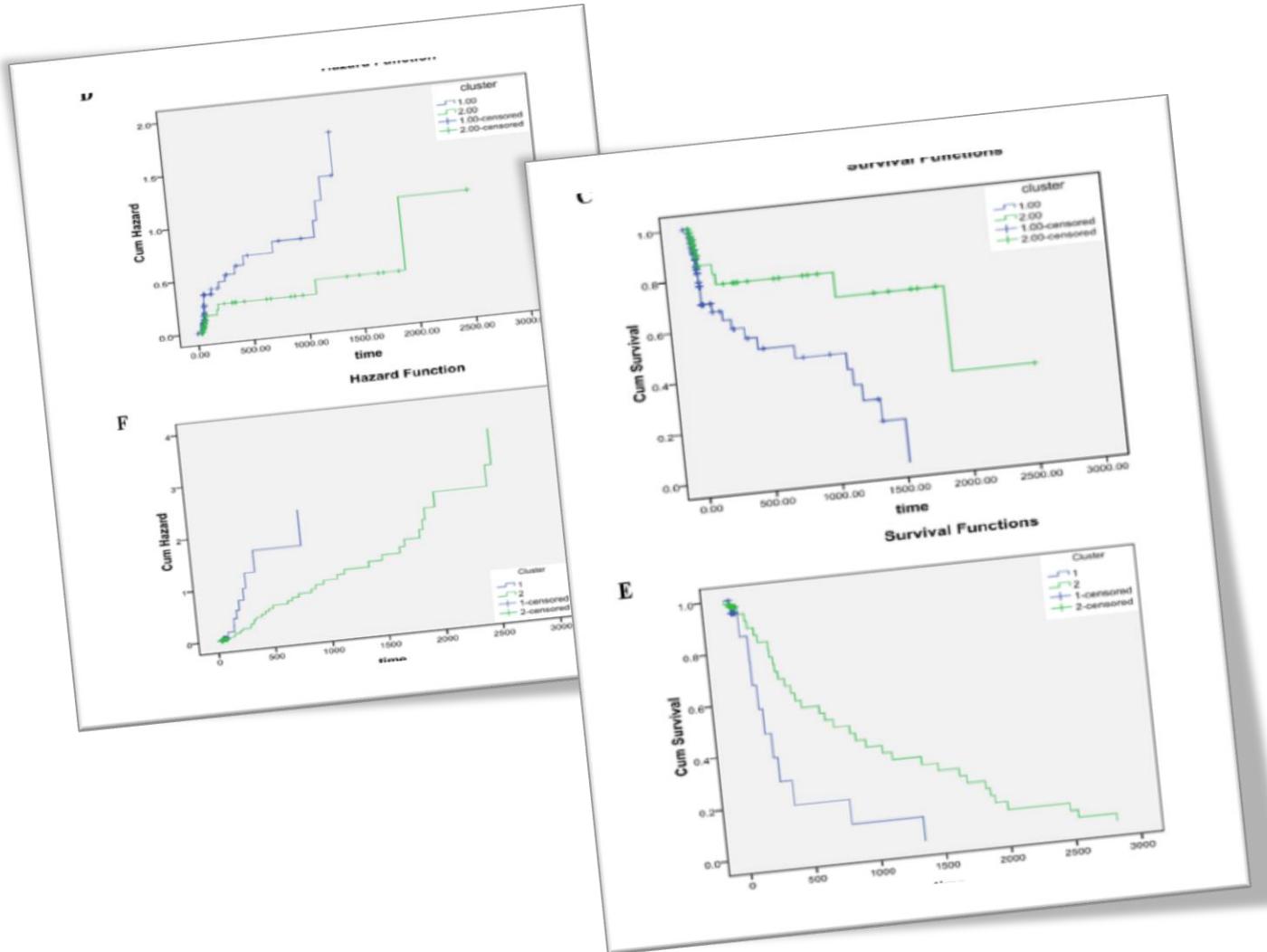
1.1. hsa-miR-34a-5p با نقش سرکوب‌گر توموری، hsa-miR-485-5p همبستگی مثبت با بقا.

2. ژن‌های CAMK2B, CCL24 و ZMYM1 که توسط miR-485-5p هدف‌گیری می‌شود و با پیشرفت سرطان

مرتبط است.

3. ژن‌های متیله‌شده: ALG13, ARHGAP23, E2F2, EPB41L1 با p-value بسیار معنادار.

اعتبارسنجی خارجی



مدل HPOAE روی داده‌های مستقل E-GEO-17538 اعمال شد و به خوبی قادر به تفکیک دو گروه بقا بود، که نشان‌دهنده قابلیت تعمیم‌پذیری بالای مدل است.

ثبات و قدرت مدل

ارزیابی 10 fold CV نشان داد مدل از ثبات بالایی برخوردار است (دقت آموزش $\sim 97\%$). همچنین، استفاده از داده‌های Multi Omics نتایج بهتری نسبت به استفاده از Single Omics داشت.

Table 6

The 10-fold cross -validation is used to evaluate the C5 classifier's performance.

Dataset	10 - fold CV	Precision	Recall	F1-score	Accuracy
Training	3 - Omic	0.978 ± 0.02	0.9375 ± 0.07	0.9375 ± 0.03	0.969 ± 0.01
	mRNA Only	0.98 ± 0.02	0.94 ± 0.08	0.95 ± 0.04	0.97 ± 0.02
	miRNA Only	0.96 ± 0.03	0.93 ± 0.09	0.94 ± 0.05	0.96 ± 0.02
	Methylation Only	0.95 ± 0.04	0.88 ± 0.13	0.91 ± 0.07	0.94 ± 0.02
Test	3 - Omic	0.56 ± 0.32	0.56 ± 0.32	0.55 ± 0.30	0.71 ± 0.1
	mRNA Only	0.49 ± 0.31	0.50 ± 0.33	0.49 ± 0.32	$0.65 \pm .10$
	miRNA Only	0.51 ± 0.32	0.53 ± 0.35	0.51 ± 0.32	$0.66 \pm .011$
	Methylation Only	0.84 ± 0.12	0.85 ± 0.05	0.85 ± 0.03	0.82 ± 0.07

بحث و نتیجه‌گیری

- 
۱. مقاله نشان می‌دهد که بهینه‌سازی پارامترها در مدل‌های یادگیری عمیق، عاملی حیاتی برای بهبود عملکرد در تحلیل داده‌های زیستی پیچیده است.
 ۲. چارچوب HPOAE پیشنهادی، ابزاری قدرتمند برای دسته‌بندی بیماران مبتلا به سرطان کولون به گروه‌های پرخطر و کم خطر ارائه می‌دهد.
 ۳. بیومارکرهای شناسایی شده، می‌توانند به عنوان هدف‌های تشخیصی، پیش‌آگهی و درمانی جدید مورد بررسی قرار گیرند.
 ۴. ارائه پلتفرم آنلاین، حرکتی مهم به سمت کاربردی‌سازی بالینی این یافته‌هاست.

محدودیت‌ها

LIMITATION



- تمامی نتایج بر اساس تحلیل محاسباتی هستند و نیاز به اعتبارسنجی آزمایشگاهی و بالینی دارند.
- داده‌های بالینی (مانند مرحله بیماری) و تصویربرداری در مدل ادغام نشده‌اند.
- حجم نمونه برای برخی تحلیل‌ها محدود است.





A1.A deep learning-based frame...pdf
4.9 MB

این مقاله را تحلیل کن.



 Qwen3-Max 11:25 AM

این مقاله یک چارچوب یادگیری عمیق جدید را برای پیش‌بینی زیرگروه‌های بقا در سرطان کولون ارائه می‌دهد. تحلیل کلیدی آن به شرح زیر است:



هدف و ضرورت تحقیق:
سرطان کولورکتال (CRC) یکی از شایع‌ترین و مرگبارترین سرطان‌هاست. دسته‌بندی دقیق بیماران از نظر پیش‌آگهی، برای طراحی استراتژی‌های درمانی مناسب حیاتی است. این مطالعه با هدف غلبه بر محدودیت‌های روش‌های قبلی (مانند عدم بهینه‌سازی پارامترها و استفاده از PCA)، یک روش یادگیری ماشین قدرتمند برای ادغام داده‌های چندجزوئی (multi-omics) و شناسایی زیرگروه‌های وابسته به بقا ارائه می‌کند.



روش‌شناسی و نوآوری‌ها:
1. داده‌ها: از داده‌های TCGA (211) نمونه با داده‌های \downarrow , miRNA-seq, RNA و متیلاسیون (DNA) و یک مجموعه اعتبارسنجی خارجی (-E)



سپاس از انجمن علمی گروه کامپیوتر

دانشکده زینب کبرا (س)

!

كن

موقع

