

Plan na artykuł:

## 1. Pierwsza strona:

tytuł artykułu, autorzy, abstract (z podziałem na: Background, Methods, Results, Conclusion; tamci z PG nie mieli tu żadnych statystyk więc u nas też bym nie dawała liczb), keywords max 6 wg Elsevier

## 2. Introduction

## 3. Methods

- Data Acquisition and Preprocessing (\*\*Data Source and Sample Selection:\*\* ORAZ \*\*Quality Control and Normalization:\*\* )
- Differential Expression Analysis (\*\*Gene and miRNA Expression Profiling:\*\* )
- Multi-Omics Integration (\*\*miRNA-Target Interaction Network:\*\* ORAZ \*\*Regulatory Module Construction:\*\* )
- Survival Analysis (\*\*Kaplan-Meier Analysis:\*\* ORAZ \*\*Cox Proportional Hazards Model:\*\* ORAZ LASSO COX Z MIRNA)
- Data Availability and Ethical Compliance (\*\*Data Availability Statement:\*\* ORAZ \*\*Ethical Approval:\*\*)

## 4. Results

- Sekcja 4.1. Molecular Landscape of PAM50 Subtypes  
Tekst: Opisujesz, że PCA rozdzieliło podtypy, a batch effect nie ma znaczenia.  
[Wstaw Rysunek 1]: Twoje wykresy PCA (jeden panel A: Bio, panel B: Batch).
- Sekcja 4.2. Concordant Proteogenomic Alterations Across Subtypes  
Tekst: Opisujesz, że w Basal spadają receptory (ER, PR), a w HER2 rośnie ERBB2.  
[Wstaw Rysunek 2]: Panel Volcano Plotów (trzy wykresy: Basal vs LumA, HER2 vs LumA itd.) LUB Heatmapa Białek.
- Sekcja 4.3. miRNA-Driven Post-transcriptional Suppression of FOXA1/ESR1  
Tekst: Opisujesz Twój kluczowy wynik: miR-17/20a/210 idą w górę, a przez to FOXA1 i ESR1 idą w dół.

[Wstaw Tabelę 1]: Tabela z R ("Top 15 Putative miRNA-Target Pairs"). Musi być sformatowana w Wordzie, nie jako zrzut ekranu!

- Sekcja 4.4. Clinical Prognostic Value of the miRNA Signature

Tekst: Opisujesz, że MKI67 psuje przeżycie, ale w modelu Coxa to stadium (Stage) jest królem.

[Wstaw Rysunek 3]: Krzywa Kaplana-Meiera dla MKI67 (cała kohorta).

[Wstaw Tabelę 2]: Wyniki modelu Coxa (ta duża tabela z HR i p-value).

1. UWAGA: Każdy rysunek ma mieć 5–8 zdań objaśniających co widać, metodologię, co oznaczają kolory/linie. Dodatkowo pod każdym wykresem / tabelą ma być coś w tym stylu: „Figure/Table X. The features' importance of the LightGBM model within the 5GF CV (A) and 10GF CV (B), TabNet model within the 5GF CV (C) and 10GF CV (D), and XGBoost model within the 5GF CV (E) and 10GF CV (F) training approaches. „

2. UWAGA: PODAJEMY KONKRETNE LICZBY, WYNIKI, WARTOŚCI

5. Discussion

- Post-transcriptional FOXA1/ESR1 Silencing as a Driver of Basal-like Aggressiveness

- Mechanistic Insights: FOXA1 as a Therapeutic Vulnerability; Tu używasz artykułu Swinstead et al.: "Nasze wyniki potwierdzają, że utrata FOXA1 uniemożliwia działanie receptora estrogenowego, co czyni raka agresywnym".

- Clinical Outcomes and Prognostic Stratification; Porównanie z literaturą (Darida et al., Howlader et al.). "Nasze wyniki przeżycia potwierdzają dane z Węgier i USA – TNBC rokuje najgorzej".

- Methodological Strengths and Caveats; Uczciwe przyznanie: "Nasz model miRNA nie był statystycznie istotny w walidacji ( $p=0.38$ ), bo mieliśmy za mało pacjentów w grupie testowej". **\*\*Strengths:\*\*** ; **\*\*Limitations:\*\***

- Therapeutic Implications and Future Directions

UWAGI: Sekcja "Limitations" MUSI być bardzo szczegółowa: - Elsevier i Nature journals favor papers, które uczcie przyznają ograniczenia[12] - (Brak walidacji w niezależnym cohort – pokazuje dojrzałość autora, który wie co brakuje

## 6. Conclusions

## 7. References

LINKI DO ARTYKUŁÓW NA KTORYCH BAZOWALISMY (WSZYSTKIE MUSZĄ BYĆ SPRAWDZONE A NIE TYLKO WYPLUTE PRZEZ CHATGPT)

## 8. FUNDING & CONFLICT OF INTEREST (Obowiązkowa)

### Supplementary materials

– Tabele uzupełniające (Tables A–D)

**\*\*Supplementary Table S1\*\***: Differential Expression Analysis Results - Complete results of limma DE analysis for all pairwise subtype comparisons - Columns: Gene ID, log2 FC, AveExpr, t-statistic, p-value, adj.p-value, B-statistic

**\*\*Supplementary Table S2\*\***: miRNA-Target Prediction Databases - Cross-tabulation of predicted targets from TargetScan, miRDB, Diana-microT-CDS - Target filtering criteria and consensus ranking

**\*\*Supplementary Table S3\*\***: Internal Validation Results - Kaplan-Meier log-rank test results and C-index statistics for train/test split - Per-subtype analysis of miRNA signature prognostic value **\*\*Supplementary Figure S1\*\***: PCA and Batch Effect Quality Control - Extended PCA plots with additional principal components - PERMANOVA statistics for batch effect testing

**\*\*Supplementary Figure S2\*\***: miRNA-Target Correlation Matrices - Spearman correlation heatmaps between all seed miRNAs and luminal targets - FDR-corrected significance annotations **\*\*Supplementary Methods\*\***: - Detailed description of integrative correlation thresholds and concordance criteria - Sensitivity analyses with alternative thresholds ( $p > -0.25, -0.35$ )

## 9. Tabele i ryciny

Tabele i ryciny

– Table 1–4

– Figure 1–3