Átszámoztam a Suppl Table-eket (ld. a cikk végén a legend-eket), illetve a Suppl Table 5-ön belül megcseréltem a fül- sorrendet.Csekkolni és megváltoztatni a sorrendeket: logikus sorrendben kell tárgyalni az ábrákat és táblázatokat. Van, amiket megváltoztattam (ld. cikk vége9, de a “Dynamics of transcriptional overlaps and transcript isoforms” szekcióhoz nem nyúltam.

A supplementary-ra (table vagy figure) nem kell sorrendben hivatkozni és nem kell a figure-en belül sem sorrendben hivatkozni a panelekre

***https://journals.plos.org/plosone/s/supporting-information***

**Supplementary Table S5. TSS, TES and gene abundances in the time-resolved dcDNA-Seq datasets and *de novo* clustering results –** Nem **transcript** abundancies? De, igen, lehet úgy helyesebb. Átírom ahol kell.

Ugyanennél a Table-nél az S4 nincs említve a szövegben: hol lehet ezt megtenni? Ezt nem értem. A D sheet-re gondolsz? Azok a raw count-ok. A plos one-nál az is le van írva, hogy nem kell feltéltelnükl meghivatkozni a suplpemnatrary anyagot (vagy valamelyik részét), úgyhogy szerintem nem kell.

Az alábbi kategóriákat lerövidítettem, mert nagyon redundáns az eredeti. Jók így, vagy valamelyik táblázatban az eredeti alapján van kategorizálva? Részemről jó ez is, az előző kategóriákat Gáborék alkották, de igen a Supp Table S2 (eredetileg)-ben azok voltak, úgyhogy akkor ott át kell írni. Erre meg kellen kérni a fiúkat.

*Transcript classification*

Transcript isoforms were classified into several groups based on differences in their TSS, TES, and ORF composition compared to the canonical transcript.

• Putative embedded mRNAs: These transcripts contain a 5′-ORF with an in-frame ATG and share a 3′-coterminus with the canonical ORF of the given gene.

• Non-coding RNAs (ncRNAs): transcripts that lack ORFs.

• 5'-UTR isoforms: These can be mono- or polycistronic, containing the same ORF as the canonical transcript but differing in the length of their 5′ untranslated regions (UTRs).

• Antisense RNAs (asRNAs): transcripts antisense to known genes.

Egyik helyen **141**, máshol **169**, máshol **170**, megint máshol **277** új transzkript van. Melyik a helyes?

169 a helyes, javítottam. A 277 az előző verzió volt, ez tényleg ott maradt an introban. A 141 nem tudom hol volt.

Among the examined transcripts, 251 received the highest level of support (\*\*\*), indicating robust validation, while 47 showed medium support (\*\*) and 51 had the lowest level (\*).

Ide definiálni kell, mit jelent ez számszerűleg. Le volt írva a methods-ban csak a csillagot nem jelöltem – most pótoltam.

Így kell nevezni ezt a kategóriát: putative embedded genes encoding 3'-coterminal but 5'-truncated transcripts with in-frame ATG. Gondolom, ellenőriztétek, hogy a belső ATG in-frame-e. Gáborék csináltak ezt, nekem azt mondták hogy igen, ellenőrizték.

Csekkolni a transzkript kinetikai osztályok új elnevezését! Szükség van erre az osztályozásra? Az 1. és a 3. klaszternél nem is látom a különbséget. Lehet h úgy kellene tárgyalni h ezzel a módszerrel mik azok, amik megfelelnek a hagyományos kategótiáknak (IE,E, L).

Az early-dominant meg mixed – ezekre gondolsz? Természetesen ez csekkolva van, hogy milyen kategóriájúak tartoznak ide ­- ha jól értem amire gondolsz – de hát ezek le is vannk írva az adott klasztereknél. Nem kell feltétlenül elnevezni őket, de valahogy tárgyalni kell őket, gondoltam így praktikus.

Szóval, nem „nyilván” mert: a plos one-nál le van írva hogy: 1. nem kell felételen meghivatkozni a supplementary-kat, 2. mindegy milyen sorrendben hivatkozzuk meg és 3. az is mindegy hogy az adott ábrán belül milyen sorrendben hivatkozunk a panelekre. Nem akarok ezen vekengeni, csak nem szeretnék még egy strigulát a „Balázs nem nézte meg, mielőtt küldte” füzetbe