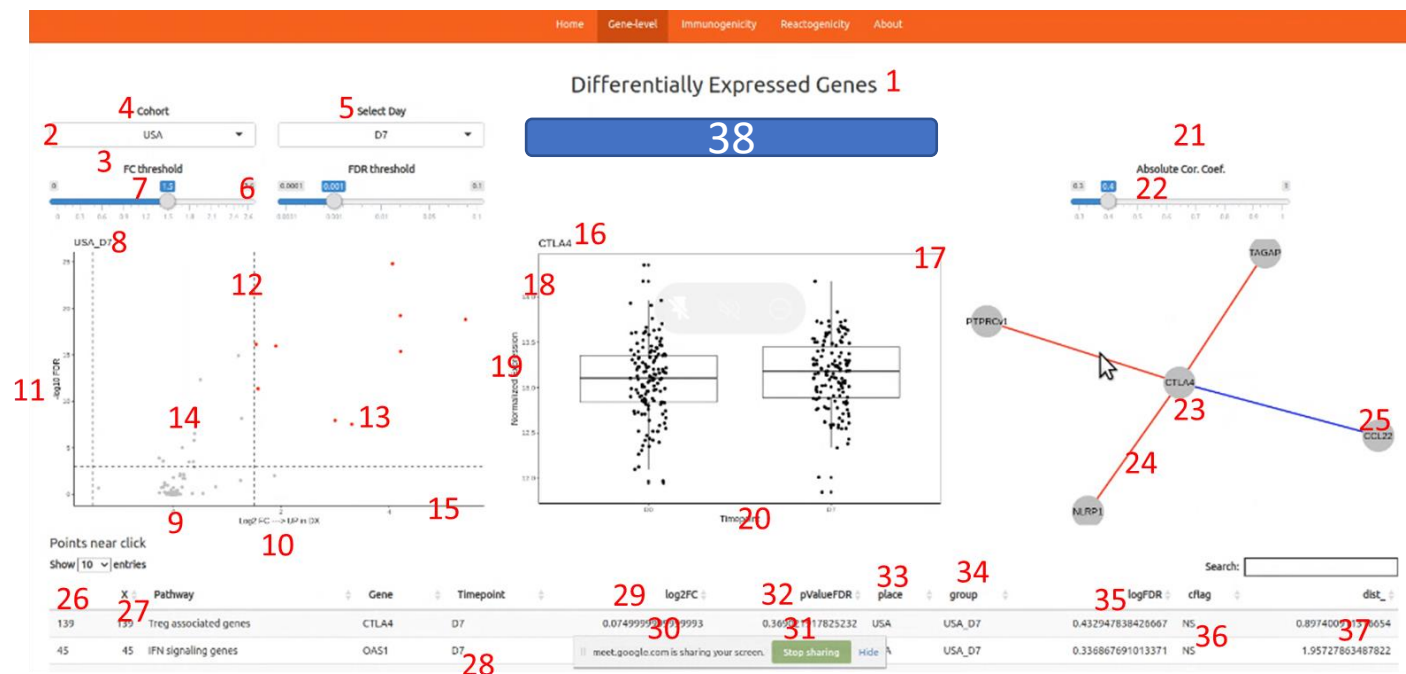


1. Troque "Differentially Expressed Genes" por "Gene-level analysis"
2. Alinhe o nome da cohort pela esquerda e coloque o fundo do botão de scroll-down um pouco cinza
3. Troque "FC threshold" por "Log2 fold-change threshold"
4. Troque "Cohort" por "Select the cohort"
5. Troque "Select Day" por "Select the timepoint"
6. Aumente a fonte para 10. Use na página toda apenas 2 tamanhos de fontes. Por exemplo, o que for titles = 14 e o resto = 10.
7. Não use a cor azul mas a cor preta, por exemplo. A cor azul já está sendo usada no gráfico para representar down-regulated
8. Coloque "paste("Volcano Plot ('',cohort,timepoint,'')")" aqui com a fonte 14
9. Aumente a fonte para 10
10. Aumente a fonte para 10 e troque tudo por "Log2 fold-change threshold"
11. Aumente a fonte para 10
12. Linha vertical da esquerda = azul clara, linha vertical da direita = vermelha, linha horizontal = preta
13. Aumente os pontos
14. Coloque pontos cinzas com alpha 0.5 (transparente 50%)
15. Aumente a grossura dos eixos. Por exemplo, para linha tamanho 1
16. Coloque o nome do gene com a fonte 14
17. Tire essa borda
18. Aumente a grossura dos eixos. Por exemplo, para linha tamanho 1
19. Aumente a fonte para 10
20. Aumente a fonte para 10 e troque por "Days post-vaccination"
21. Troque "Absolute Cor. Coef." por "|R| threshold"
22. Aumente a fonte pra 10 e troque o azul por preto, se possível
23. Aumente o tamanho dos nodes e coloque uma borda preta. Se for possível, pinte a cor dos nodes com o log2 FC da cohort e time point selecionado (blue = valores negativos, white = 0, red = valores positivos)
24. Coloque um alpha 0.8 se possível e bote a grossura da edge proporcional ao valor de |R| (maior o R, mais grossa a edge"
25. Aumente a fonte pra 10 e bote nomes de genes em itálico



26. Tire essa coluna
27. Tire essa coluna
28. Troque "D" por "Day "
29. Troque "log2FC" por "Log2 fold-change"
30. Limite para 3 casas decimais
31. Limite para 3 casas decimais
32. Troque "pValueFDR" por "FDR"
33. Troque "place" por "Cohort"
34. Tire essa coluna
35. Tire essa coluna
36. Tire essa coluna
37. Limite para 3 casas decimais
38. Adicione um campo para buscar pelo nome do gene. Se o usuário digitar, o boxplot e o correlation plot irá mostrar o gene. Veja "Select the gene" em <https://covid19.sysbio.tools/obesity>