博士学位论文基因调控网络构建方法修改报告

针对外审的论文返回意见为C的评阅人的评语，本人结合中南大学最新的博士论文的学术规范和要求，以及导师的意见，在补充相关实验之后，对原文进行了细致地修改和更正，改动细节如下所示：

1. 重构了摘要。送审版本的论文摘要部分存在用词不够精准、逻辑不够清晰的问题；重构后的摘要表达更清晰明了，也更加突出了论文本身的创新点和工作，更加符合博士学位论文的要求。
2. 重构了目录。送审版本的论文目录存在子标题过于琐碎、标题字数冗长、章节和章节的子目录风格不一致的问题；重构后的目录更加符合博士学位论文的要求，层级适中，简洁，风格也保持了一致。
3. 重构了绘图。送审版本的论文中有部分示意图绘图中使用的字体太小，不适合打印后阅读；重构后的论文调整了字体适合且90%的图重构为矢量图，即适合打印后阅读也适合在线翻阅。
4. 第一章 绪论P15页添加了“图1-7 本文主要研究工作宏观关联示意图“，使论文脉络更为清晰，论文工作更显得紧凑。
5. 第二章:
   1. 在P20页加入了算法Loc-PCA-PMI，说明了该算法的实现细节、方法框架图并分析了时间复杂度；
   2. 添加了阈值独立性参数与AUPR的实验结果，如图2-4所示；
6. 第三章：
   1. 添加了图3-1 D3GRN 方法框架图，使得D3GRN方法更容易被理解；
   2. 在章节3.3.3 基于面积的评分 添加了一个示意图，使读者更容易理解为什么基于面积的评分比传统的评分更有益于最终的排序评比。
   3. 添加了在DREAM4 网络4 的ARNI 步骤数L 和抽样次数b 取得的AUPR 值示意图，如图3-3 所示，该图和原有的图3-4 一同展示了D3GRN算法参数和AUPR之间的关系。
7. 第四章和第五章，介绍的方法都是基于单细胞数据集，第四章紧扣主题介绍单细胞基因调控网络的构建方法scGRNHunter。我们发现单细胞数据集上基因调控网络跟细胞类型相关，因此又研究了细胞聚类方法并拓展到了稀有细胞的识别，这两个方法RafClust和 DoRC整合成第五章。相对于送审版本的结构，这种章节安排方式更加具有层次性。