### 1 分析流程

* Content: 分析流程
* lg Comment: 参考的主要文献放到流程图或者结论后边

Reply: 已补充。

## 3.5 Seurat 单细胞数据分析 (AA)

* Content: each sample
* lg Comment: 能暂时各组间不同细胞的比例以及差异吗？

Reply: 已补充。

## 3.7 scFEA 单细胞数据的代谢通量预测 (AA)

* Content: **Fig.**
* lg Comment: 这几类细胞与代谢通量的关系能用热图展示吗？ PMID: 37853415

Reply: 热图不好展示。

## 3.8 Limma 代谢通量差异分析 (AA\_FLUX)

* Content: 析 DMFs
* lg Comment: 这个全称什么？差异代谢通量

Reply: 差异代谢通量。

## 3.9 细胞群 features 关联分析 (AA)

* Content: (即，**基因集** (NAT10, LINC02193, DDX10P1, …[n = 116]
* lg Comment: 这里是116，后边有个37，我看相关性结果也是37？ 116到37如何筛选的？

Reply: 方法中已有说明。

* Content: 统计为: EPC (2085), Myeloid\_cell (391), NK\_cytotoxic\_T (69)。
* lg Comment: 结果只有这三个细胞与个细胞群符合阈值吗？

Reply: 方法中已有说明。

* Content: (0.3) 阈值，获取各细胞群 (细胞的筛选算法见方法章节) 中的显著关联组。统计为: EPC (2085), Myeloid\_cell (391)。设定 P 阈值 (0.05) 与关联系数 (0.3) 阈值，获取各细胞群 (细胞的筛选算法见方法章节) 中的显著关联组。统计为: EPC (2085), Myeloid\_cell (391), NK\_cytotoxic\_T (69)。
* lg Comment: 这里有三次结果展示，基本是相同的

Reply: 方法中已有说明。

* Content: Myeloid cell correlation heatmap
* lg Comment: 37个基因如何得来的呢？

Reply: 方法中已有说明。

## 3.11 汇总: EPC\_DEG + EPC\_sig (EPC)

* Content: (S100A6, PRELID1, TIMM10, …[n = 37]
* lg Comment: 同上，116到37如何来的？

Reply: 方法中已有说明。