## 3.1 UCSCXenaTools 癌症相关数据获取 (LUAD)

* Content: TCGA (n=513)
* 10858 Comment: TCGA正常样本没纳入吗？

Reply: UCSCXenaTools 提供的样本是已经将 GTEx 样本和 TCGA 样本用同一个上游管道分析出来的，去除了一定批次效应，你再纳入 TCGA 正常样本，多此一举了。

## 3.4 WGCNA 分析 (LUAD)

* Content: cor > 0
* 10858 Comment: 相关性要尽量保持|R>0.3|

Reply: 已修改。

* Content: !
* 10858 Comment: 相关性热图呢？根据你这个图看出模块数应该没有25个吧？是否合并模块？

Reply: 已补充热图，是25个。

## 3.5 汇总: DEGs + All\_matrisome + WGCNA\_module (LUAD)

* Content: !
* 10858 Comment: 数字背景去除，重叠了

Reply: 已调整。

## 3.7 COX 回归 (TCGA\_LUAD)

* Content: 执行单因素 COX 回归，筛选 P 值 < 0.05，且满足 PH 假定 (P > 0.05)，共筛选到 30 个基因
* 10858 Comment: 这部分结果在哪体现出来

Reply: 已补充表格。

### 4 总结

* Content: 4 总结
* 10858 Comment: 你这个和方案差的太多了，免疫、突变、药敏都没做 , 单细胞中细胞通讯时序分析都没做，只看了个基因分布。。。

Reply: 补了免疫浸润、细胞通讯、拟时分析、癌细胞鉴定。突变、药敏不做了，得不出什么结论。