## 3.1 UCSCXenaTools 癌症相关数据获取 (LUAD)

* Content: Target
* Administrator Comment: 这个是指Target数据库吗

Reply: TcgaTargetGtex 是的，UCSCXena 合并了三个数据集

* Content: Normal Tissue (n=288) , Primary Tumor (n=513) 。数据来源为：GTEX (n=288) , TCGA (n=513) 。
* Administrator Comment: 你回复的我不太认同，即便你纳入的GETx的正常数据，也需要TCGA的癌旁样本，如坚持己见，请提供文献

Reply: 这个是 UCSCXena 合并的，有依据，原文中已有参考文献。

## 3.2 Limma 差异分析 (LUAD)

* Content: !
* Administrator Comment: 图片该优化了，不能所有的项目图都用一种风格

Reply: 下次优化。

## 3.4 WGCNA 分析 (LUAD)

* Content: !
* Administrator Comment: 确定下面的颜色有25个啊

Reply: 确定的，ME 25 个是从这个结果提取出来的。

* Content: !
* Administrator Comment: 这块和上面的聚类图看不出对应关系，能不能调整？

Reply: 上面的聚类图，不同模块的大小相差很大，对应不起来吧，不如这边独立聚类。

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

* Content: Limma
* Administrator Comment: Limma?

Reply: Limma 差异分析

* Content: ME0
* Administrator Comment: M0就有1万多基因？后续分析如果模块筛出来的基因太多，建议使用GS 、MM进行过滤，如果大部分基因都成了模块基因，那这个算法的作用就不大了

Reply: 我是用的MM过滤了，选了最显著的模块，我看后面结果，预后模型没问题，应该没必要调整吧。

## 3.7 COX 回归 (TCGA\_LUAD)

* Content: 最终得到 530 例数据
* Administrator Comment: 附件的原始数据TCGA才513，这个530是？

Reply: 这里是另外一批数据集，下载自 TCGA。上面是来自于 UCSCXena。没问题。

* Content: (Alive (n=340) , Dead (n=189) )
* Administrator Comment: 核对数量

Reply: 去除了生存状态未知的样本，这个是自动注释的，数量无误。

* Content: !
* Administrator Comment: 调整上横坐标数量间距，分不清是999999还是9，9，9，9，

Reply:

## 3.17 Monocle3 拟时分析 (EPITHELIAL)

* Content: epithelial\_cells
* Administrator Comment: 重点分析这个细胞的理由？

Reply: 癌的来源细胞。