目标：通过唾液和血清样本通过液相芯片测量每组的因子数量，并拍摄了microct计算了一系列骨参数如骨体积分数骨小梁密度，你将如何进行数据分析将此两者联系起来并进行唾液血清相关性与准确度的比较，筛选出有意义的组合因子

具体步骤（视情况而定）：

一、数据处理

1. \*\*数据清洗\*\*--异常值处理

2. \*\*正态性检验\*\*

要求：提供三线表

二、组间差异分析\*\*

1. \*\*单变量分析\*\*

- \*\*因子水平\*\*：对每个因子进行单因素方差分析（ANOVA，正态数据）或Kruskal-Wallis检验（非正态），标记组间差异（健康vs中度vs重度）。注明不同检验方法

- \*\*骨参数\*\*：同法分析骨体积分数（BV/TV）、骨小梁分离度（Tb.Sp）等指标的组间差异。

要求：三线表+双y轴(辅助散点/折线）每个因子的唾液血清放一起

三、唾液/血清因子与骨参数及分组的关联分析\*\*

1. \*\*相关性网络构建\*\*

- 计算Spearman/Pearson相关系数矩阵：

- 唾液因子 vs 骨参数（Tb.sp和分组）

- 血清因子 vs 骨参数

- 使用Benjamini-Hochberg法校正多重比较的p值（控制FDR<0.1）。

要求： - 筛选|r|>0.7且校正后p<0.05的强关联对，绘制热图

- 三线表标记唾液/血清中与骨丢失（如BV/TV降低）显著相关的促炎因子（如IL-6）。

看筛选出的因子做下一步分析

四、唾液与血清的诊断性能比较\*\*

1. \*\*相关性一致性检验\*\*

- 对同一因子（如IL-8）在唾液和血清中的浓度进行配对样本检验（Wilcoxon signed-rank）。

- 绘制Bland-Altman图评估一致性（图2），计算一致性界限（LoA）。

2. \*\*诊断准确性评估\*\*

- 构建ROC曲线，比较唾液/血清因子区分疾病分期的能力（如重度vs非重度）。

- 计算AUC值，DeLong检验比较AUC差异

（### \*\*五、多变量模型构建\*\*

筛选出组合因子--R语言+多元回归（看参考文献/一般怎么做）

六、通路筛选--那个通路最相关