Matrix verstehen

* + **treated**: Zeilen = Gene, und Spalten = Proben, Genexpressionswerte werden log2-transformiert
  + **untreated**: siehe treated+ Nullkonzentration, Kontrollen
  + **Neg.log**: Reihen = Medikamente, Spalten = Krebszelllinien, höhere Werte für mehr Sensitivität sprechen, 50% Wachstumshemmung
  + **CCLE\_mutations**: Somatische Mutationen (Single-Nucleotid-Varianten und INDELS=Verschmelzung aus Insertion und Deletion bei Mutationen im Genom) aus Krebszelllinien

🡪<https://docs.gdc.cancer.gov/Data/File_Formats/MAF_Format/#protected-maf-file-structure>

* + type of mutation:
  + **SNP**: Single nucleotide polymorphism -- a substitution in one nucleotide
  + **INS:** Insertion -- the addition of nucleotides
  + **DEL:** Deletion -- the removal of nucleotides
  + *Aus <*[*https://docs.gdc.cancer.gov/Encyclopedia/pages/Variant\_Type/*](https://docs.gdc.cancer.gov/Encyclopedia/pages/Variant_Type/)*>*

* + **Copynumber**: Werte sind log2-transformierte Genkopienummern (d.h. log2(Gen CN / 2); sie werden durch 2 geteilt, da es in diploiden Genomen normalerweise 2 Kopien eines Gens gibt
  + **Basale Genexpression:** welche Zelllinien ein Gen im Vergleich zu den anderen überexprimiert haben. Die Werte werden log2-transformiert.