

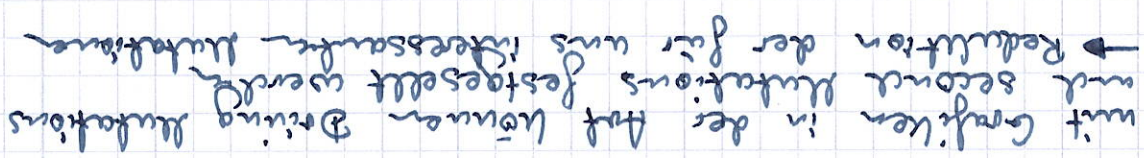
① Einleitung → Literatur

- Was gibt es dazu in der Literatur? (bezogen auf Training Mutation, Gene)

② Project Plan

- $\psi T \rightarrow$ Gen. addrees überall invariant ist bestimmt als wild type

- ~~mit anderen Methoden der~~


$$d + s = \text{driving} + \text{second installation}$$

→ Ascending k-means auf Matrix Z



Bsp: $TP53/EGFR = 0.28$

Bsp: $\boxed{TP53/EGFR = 0,18}$
 $TP53/MYC = 0,7$
 driving & secondary mutations verglichen werden...
 immer eine driving und eine secondary Mutation zusammen genommen, werden dann mit anderen... verglichen...

D_1/S_1	D_2/S_1	D_3/S_1
D_1/S_2	D_2/S_2	D_3/S_2
D_1/S_3	D_2/S_3	D_3/S_3

Step 3

Regression

- Treffen Vorhersage über unsere Daten & schauen ob diese dann zutrifft
- Vorhersage über Inkrementation der Gene
- Er hat das Bsp. von Karl angeht mit Genzustand und Lesensensitivierung oder so ähnlich

↳ ~~mit hoher Selbstähnlichkeit~~ ~~hängen~~ ~~offen~~
 Bei uns wird denn die "Abhängigkeit" zweier Gene betrachtet