

## 8 Attribute:

1. prefix: String = .\Pfad\der\Datei  
self.adata.uns["prefix"]

2. gene\_info: pd. Dataframe = Informationen zu den Genen  
self.adata.var

	Symbol	Length	Type	...
gene_0	"UHMU1"	8478	"Cellular"	
gene_1	"ATF3"	2103	"Cellular"	
gene_2	"PABCL"	3592	"Cellular"	
gene_3	"ROR1"	5832	"Cellular"	
...				

3. slots: Dictionary = Platz für die Datenmatrizen  
self.adata.layers[key]

count	cell_0	cell_1	cell_2	...
gene_0	650	292	73	
gene_1	12	455	242	
gene_2	510	37	139	
gene_3	311	168	90	
...				

ntr	cell_0 ...	
gene_0		
...		

Wichtig: Transponiert im Vergleich zu grandR

4. coldata: pd. Dataframe = Informationen zu Samples  
self.adata.obs

	Condition	Replicate	duration.4sll	...
cell_0	"Mock"	"A"	0	
cell_1	"Mock"	"A"	1	
cell_2	"Mock"	"A"	2	
cell_3	"Sars"	"B"	2	
...				

5. metadata: Dictionary = Zusatzinformationen  
self.adata.uns["metadata"][key]

Description: String, default\_slot: String, GRAND-SLAM version: int

6. analyses

self.adata.uns["analyses"]

7. plots

self.adata.uns["plots"]

8. parent: GrandPy = übernimmt manche Attribute des parent, falls diese None sind  
wird nicht gespeichert

übernehmbare Attribute: prefix, gene\_info, slots, cadata, metadata

nicht übernehmbare: analyses, plots, parent