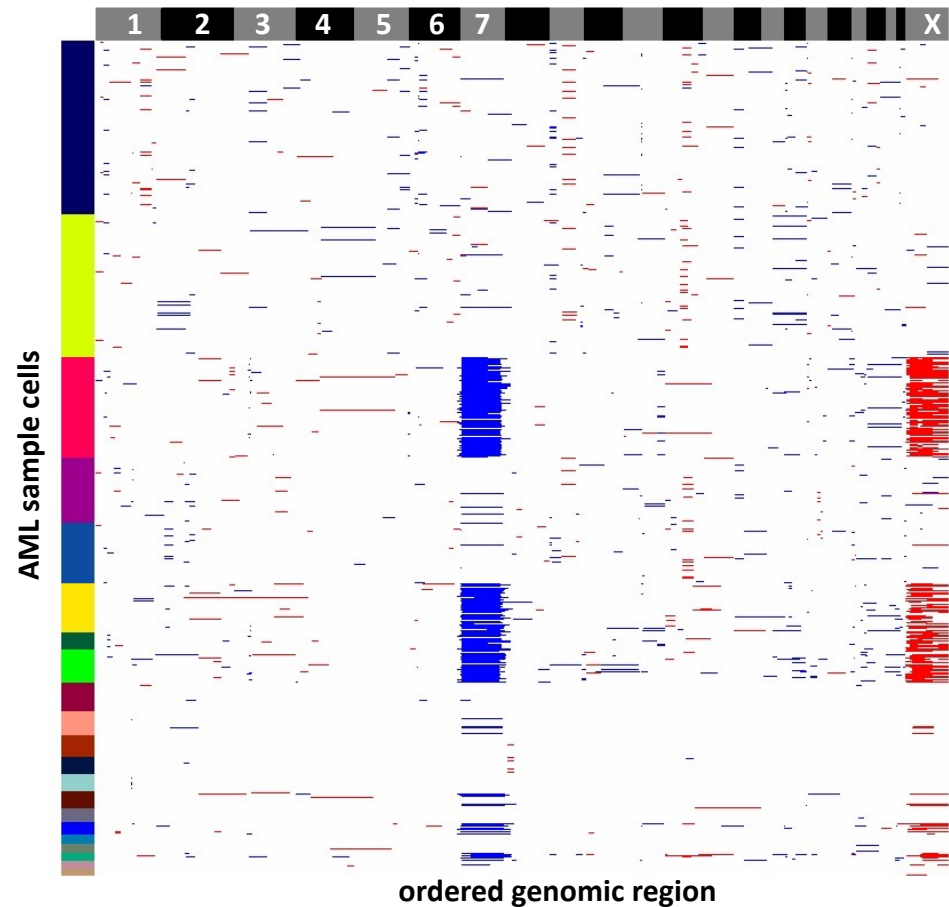
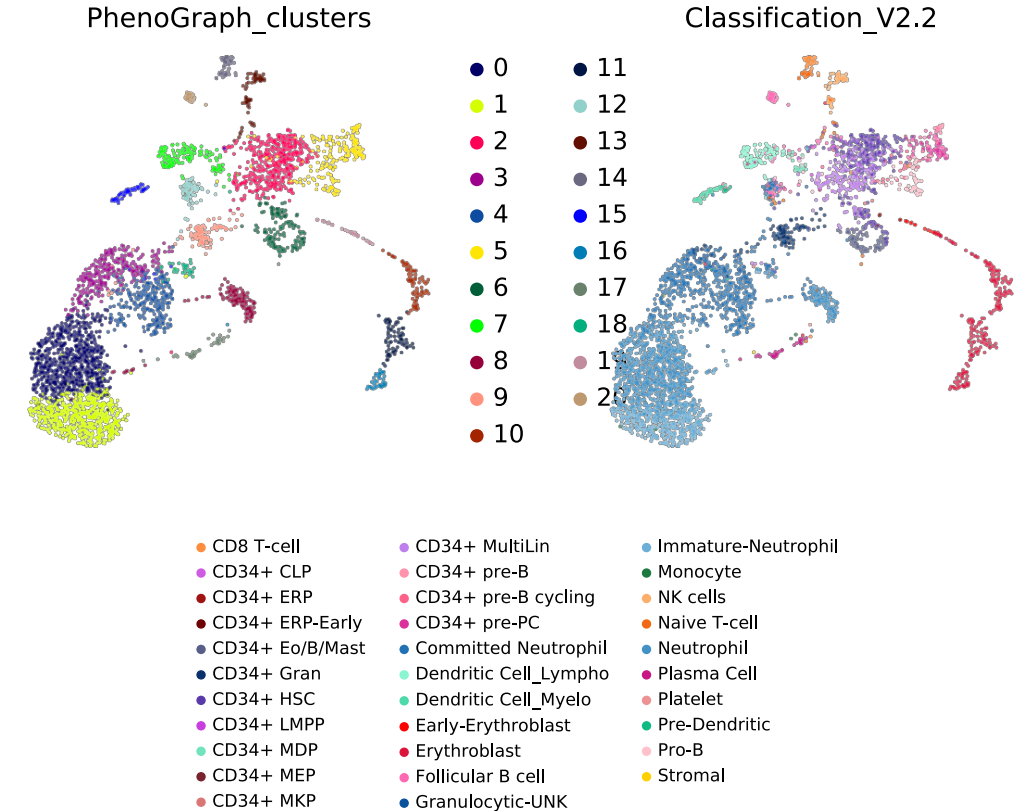


Nous avons estimé des profils de nombre de copies à partir de données de scRNA-seq pour des échantillons de LMA, en utilisant une approche de type cellule appariée avec HCA comme référence pour inférer la ligne de base du nombre de copies. Cette approche nous a permis d'identifier des groupes présentant des anomalies cytogénétiques. Pour chaque échantillon, nous avons généré une carte thermique (heatmap) et deux représentations UMAP.



La carte thermique (heatmap) groupée représente les profils de nombre de copies de scRNA-seq. Chaque ligne correspond à une cellule, codée par couleur et ordonnée selon son cluster Phenograph, et chaque colonne correspond à une région génomique ordonnée. Les cases noires et grises indiquent les chromosomes (gauche : chromosome 1 -> droite : chromosome X). Le signal bleu indique une perte, tandis que le signal rouge indique un gain.



Le premier UMAP (gauche) correspond aux données de scRNA-seq de l'échantillon, colorées par cluster Phenograph, tandis que le deuxième UMAP (droite) correspond à l'annotation de type de cellule V2.2 prédite en utilisant notre classificateur random forest entraîné sur les données de HCA.