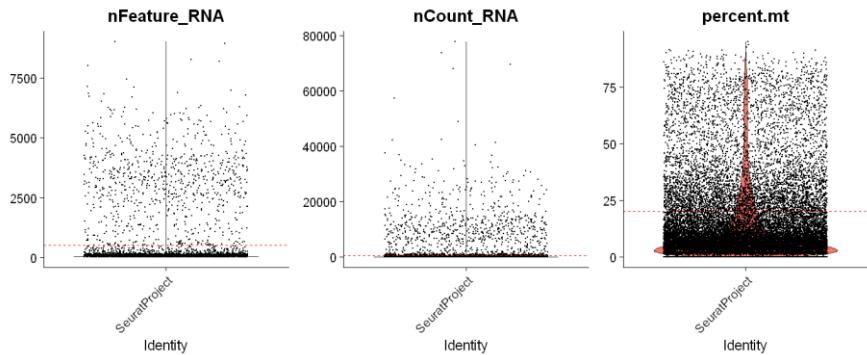
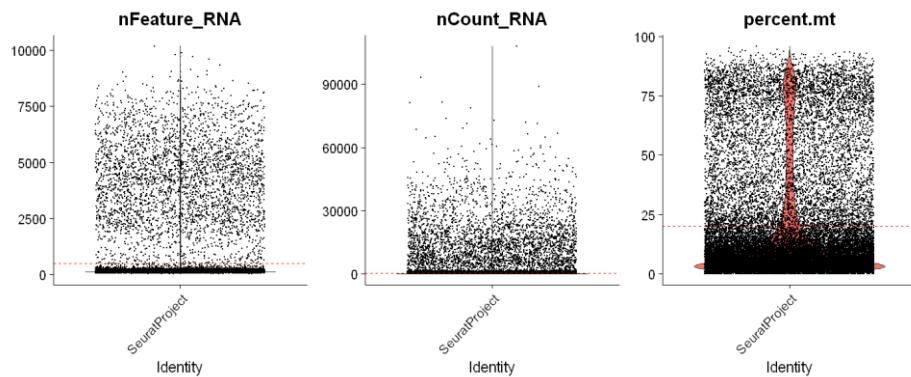


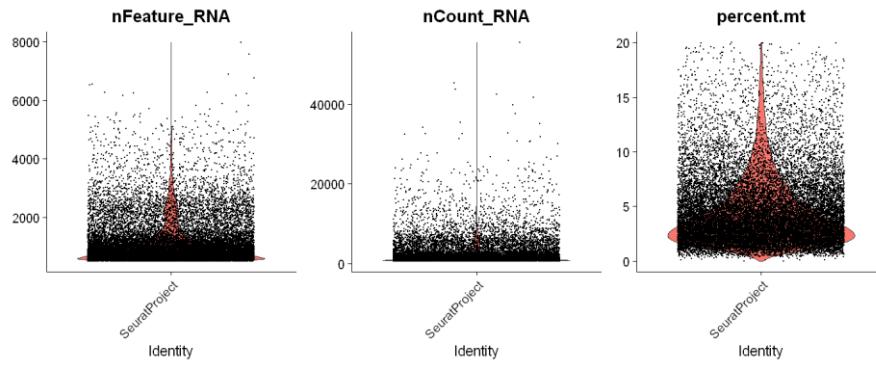
Rysunek 1. Wykres rozkładu komórek dla każdej próbki wraz z zaznaczeniem na czerwono progu filtracji komórek dla próbki 2. Każdy punkt reprezentuje pojedynczą komórkę. Wykres przedstawia rozkład liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA), całkowej liczby transkryptów (nCount_RNA) oraz procentowej zawartości mitochondrialnych genów (percent.mt).



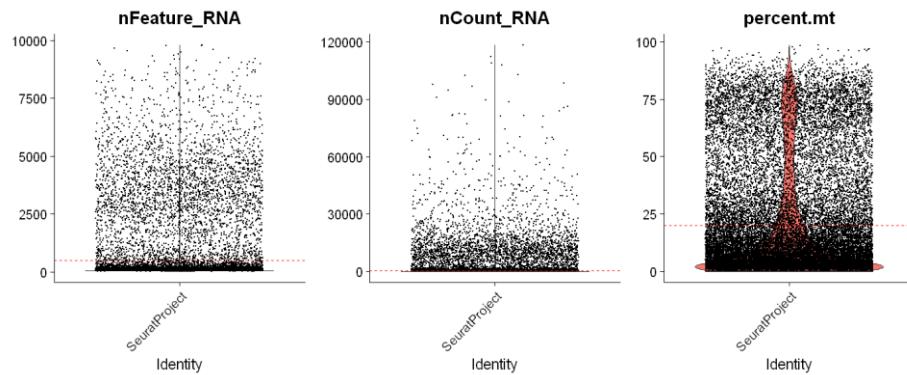
Rysunek 2. Wykres rozkładu komórek dla każdej próbki wraz z zaznaczeniem na czerwono progu filtracji komórek dla próbki 3. Każdy punkt reprezentuje pojedynczą komórkę. Wykres przedstawia rozkład liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA), całkowej liczby transkryptów (nCount_RNA) oraz procentowej zawartości mitochondrialnych genów (percent.mt).



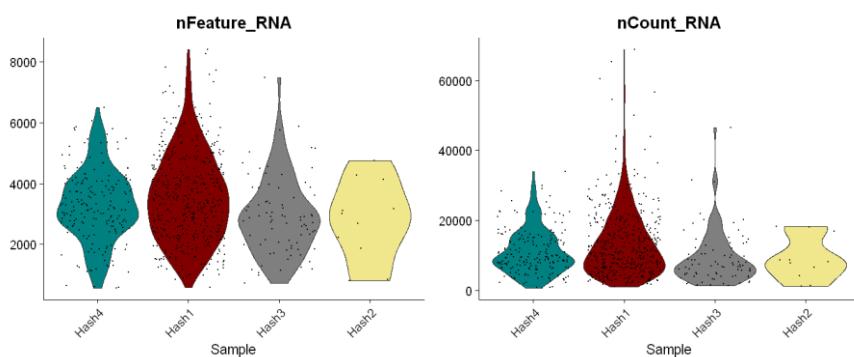
Rysunek 3. Wykres rozkładu komórek dla każdej próbki wraz z zaznaczeniem na czerwono progu filtracji komórek dla próbki 4. Każdy punkt reprezentuje pojedynczą komórkę. Wykres przedstawia rozkład liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA), całkowej liczby transkryptów (nCount_RNA) oraz procentowej zawartości mitochondrialnych genów (percent.mt).



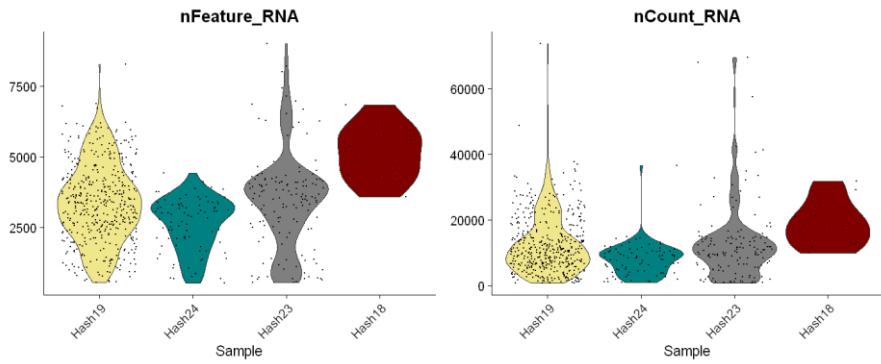
Rysunek 4. Wykres rozkładu komórek dla każdej próbki wraz z zaznaczeniem na czerwono progu filtracji komórek dla próbki 95. Każdy punkt reprezentuje pojedynczą komórkę. Wykres przedstawia rozkład liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA), całkowitej liczby transkryptów (nCount_RNA) oraz procentowej zawartości mitochondrialnych genów (percent.mt).



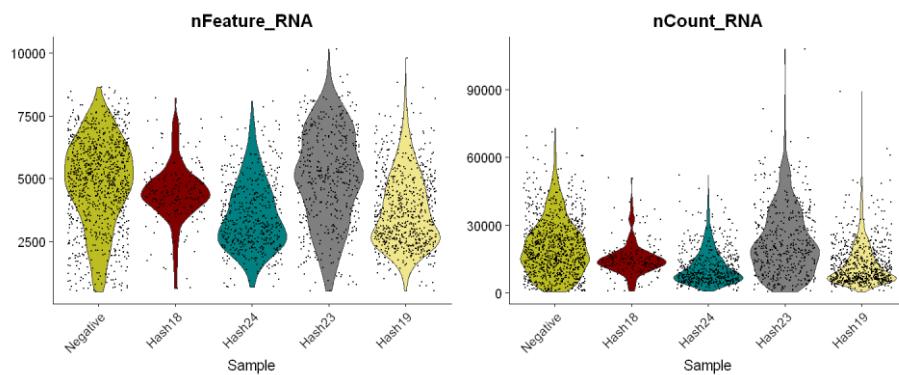
Rysunek 5. Wykres rozkładu komórek dla każdej próbki wraz z zaznaczeniem na czerwono progu filtracji komórek dla próbki 99. Każdy punkt reprezentuje pojedynczą komórkę. Wykres przedstawia rozkład liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA), całkowitej liczby transkryptów (nCount_RNA) oraz procentowej zawartości mitochondrialnych genów (percent.mt).



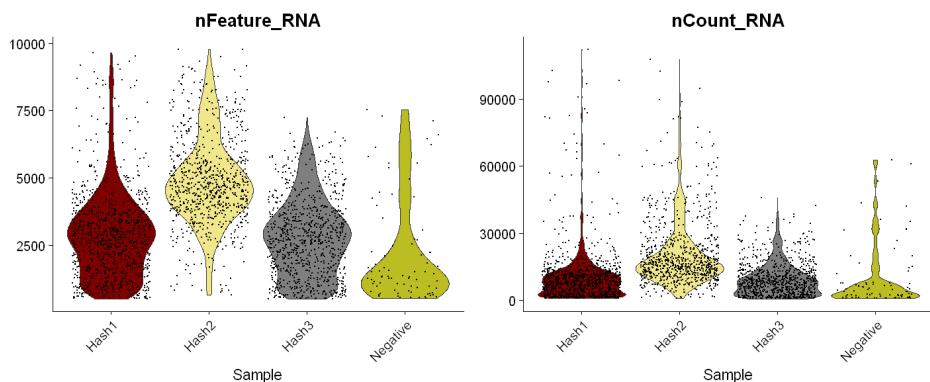
Rysunek 6. Wykres przedstawiający rozkład liczby wykrytych genów (nFeature_RNA) oraz całkowitej liczby odczytów (nCount_RNA) dla komórek, pogrupowanych według populacji komórkowych przypisanych na podstawie znaczników oligonukleotydowych (tzw. hashy) po filtracji dla próbki 2.



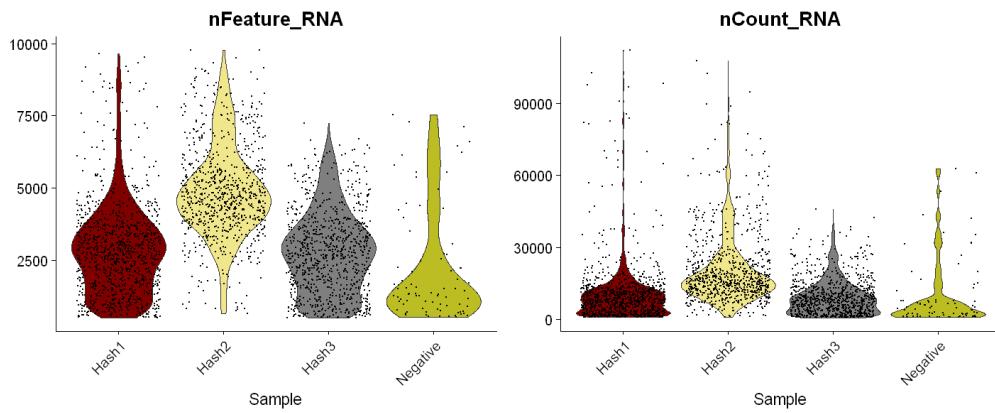
Rysunek 7. Wykres przedstawiający rozkład liczby wykrytych genów (nFeature_RNA) oraz całkowej liczby odczytów (nCount_RNA) dla komórek, pogrupowanych według populacji komórkowych przypisanych na podstawie znaczników oligonukleotydowych (tzw. hashy) po filtracji dla próbki 3.



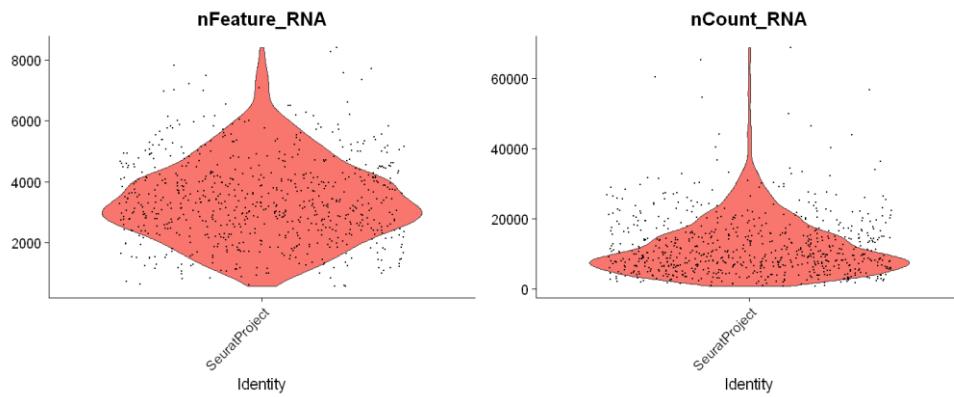
Rysunek 8. Wykres przedstawiający rozkład liczby wykrytych genów (nFeature_RNA) oraz całkowej liczby odczytów (nCount_RNA) dla komórek, pogrupowanych według populacji komórkowych przypisanych na podstawie znaczników oligonukleotydowych (tzw. hashy) po filtracji dla próbki 4.



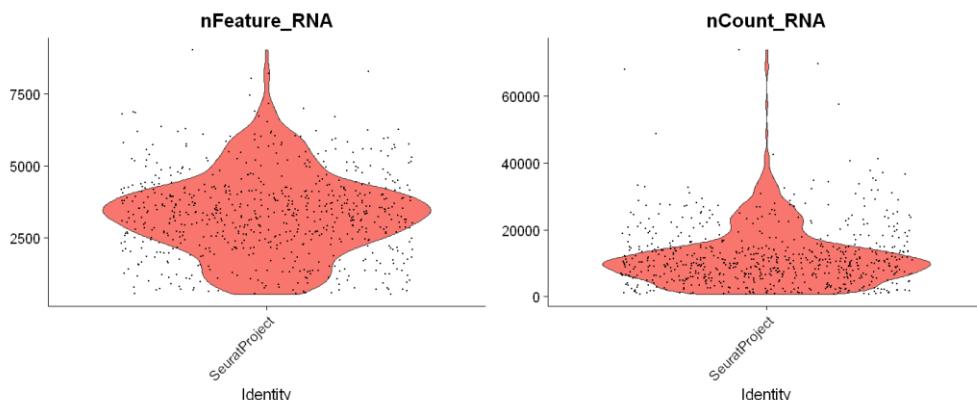
Rysunek 9. Wykres przedstawiający rozkład liczby wykrytych genów (nFeature_RNA) oraz całkowej liczby odczytów (nCount_RNA) dla komórek, pogrupowanych według populacji komórkowych przypisanych na podstawie znaczników oligonukleotydowych (tzw. hashy) po filtracji dla próbki 95.



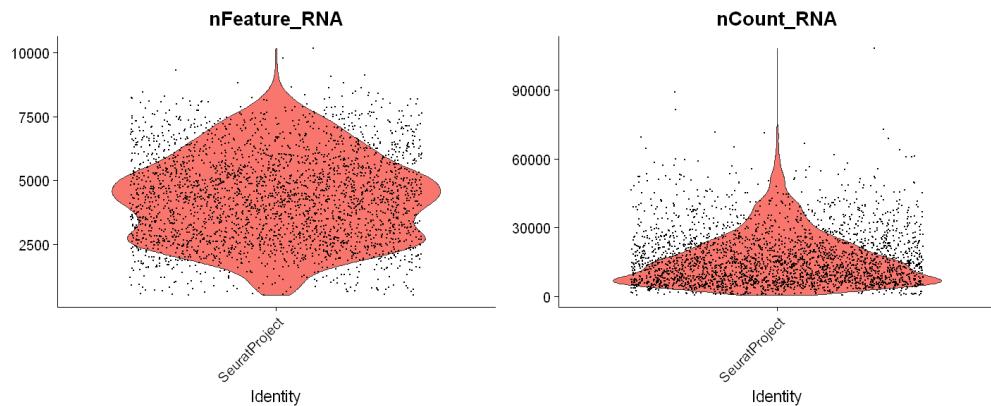
Rysunek 10. Wykres przedstawiający rozkład liczby wykrytych genów (*nFeature_RNA*) oraz całkowitej liczby odczytów (*nCount_RNA*) dla komórek, pogrupowanych według populacji komórkowych przypisanych na podstawie znaczników oligonukleotydowych (tzw. *hashy*) po filtracji dla próbki 99.



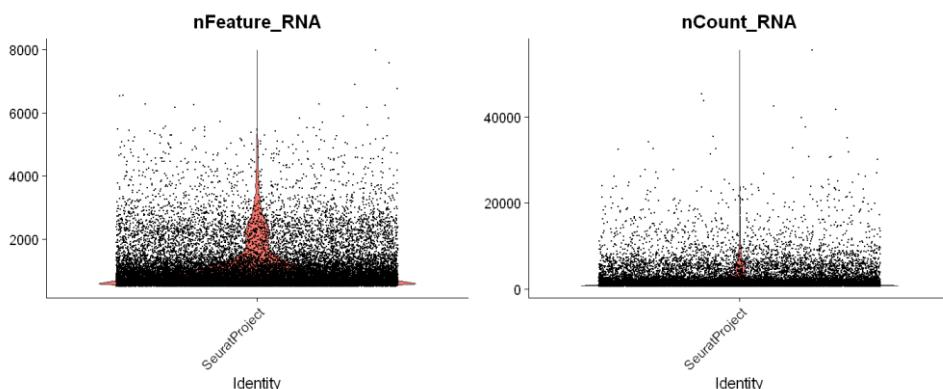
Rysunek 11. Wykres przedstawiający liczbę wykrytych genów na komórkę (*nFeature_RNA*) oraz całkowitej liczby transkryptów (*nCount_RNA*) dla próbki 2 po filtracji. Każdy punkt odpowiada pojedynczej komórce



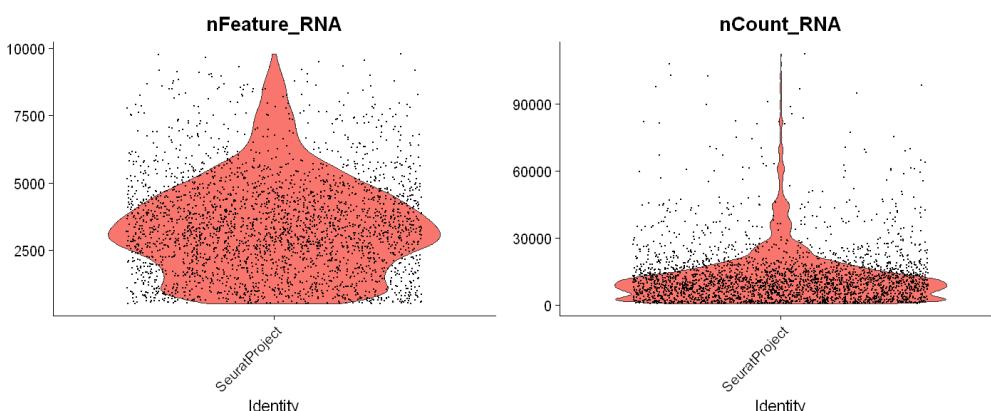
Rysunek 12. Wykres przedstawiający liczbę wykrytych genów na komórkę (*nFeature_RNA*) oraz całkowitej liczby transkryptów (*nCount_RNA*) dla próbki 3 po filtracji. Każdy punkt odpowiada pojedynczej komórce



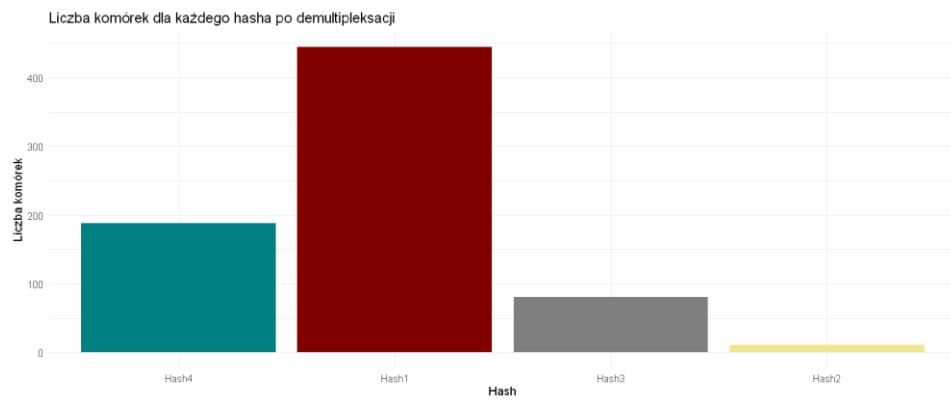
Rysunek 13. Wykres przedstawiający liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA) oraz całkowitej liczby transkryptów (nCount_RNA) dla próbki 4 po filtracji. Każdy punkt odpowiada pojedynczej komórce



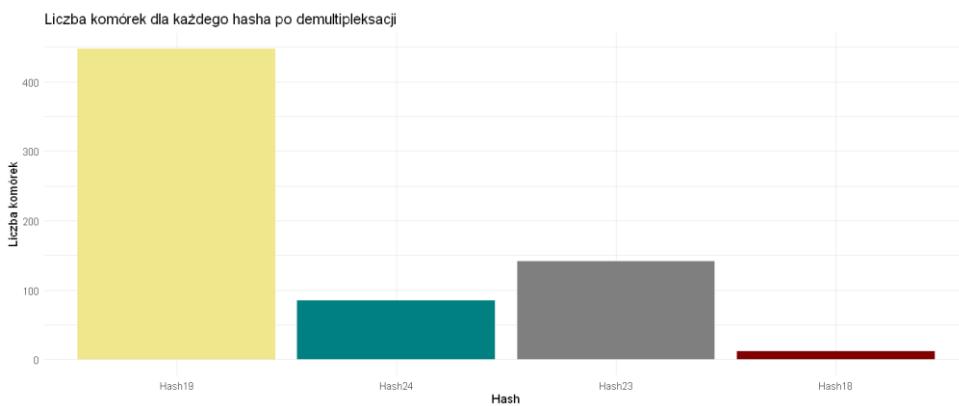
Rysunek 14. Wykres przedstawiający liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA) oraz całkowitej liczby transkryptów (nCount_RNA) dla próbki 5 po filtracji. Każdy punkt odpowiada pojedynczej komórce



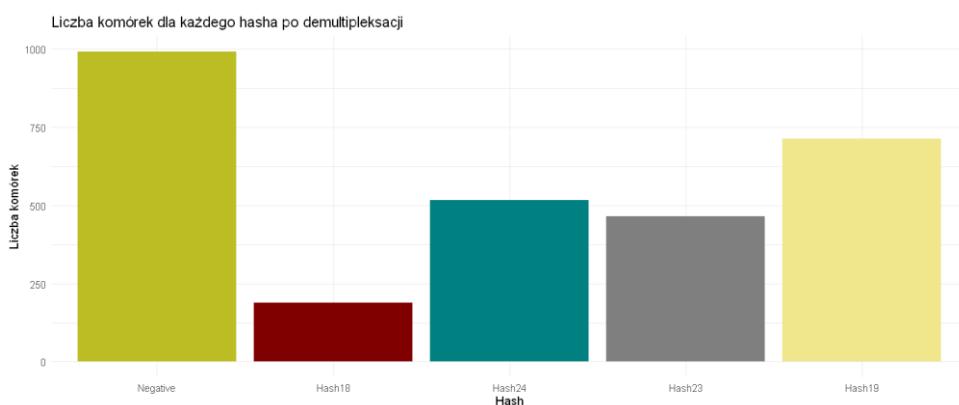
Rysunek 15. Wykres przedstawiający liczby wykrytych genów na komórkę (nFeature_RNA) oraz całkowitej liczby transkryptów (nCount_RNA) dla próbki 6 po filtracji. Każdy punkt odpowiada pojedynczej komórce



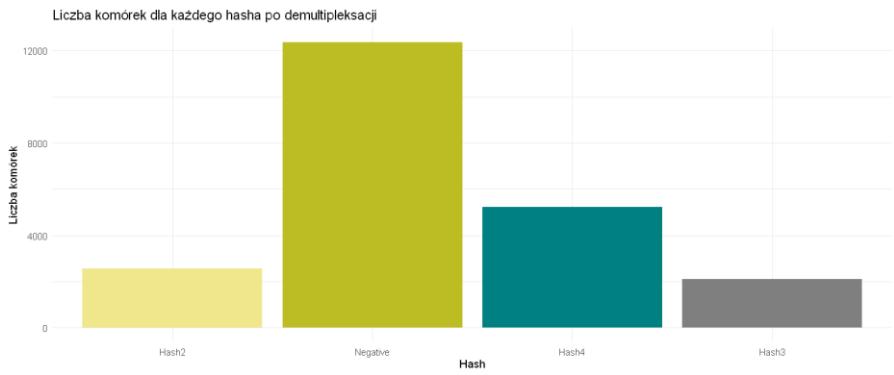
Rysunek 16. Wykres słupkowy przedstawiający liczbę komórek przypisanych do poszczególnych znaczników oligonukleotydowych po procesie demultipleksacji dla próbki 2. Wykres uwzględnia również komórki oznaczone jako negatywne, ponieważ sąbrane pod uwagę w dalszej analizie.



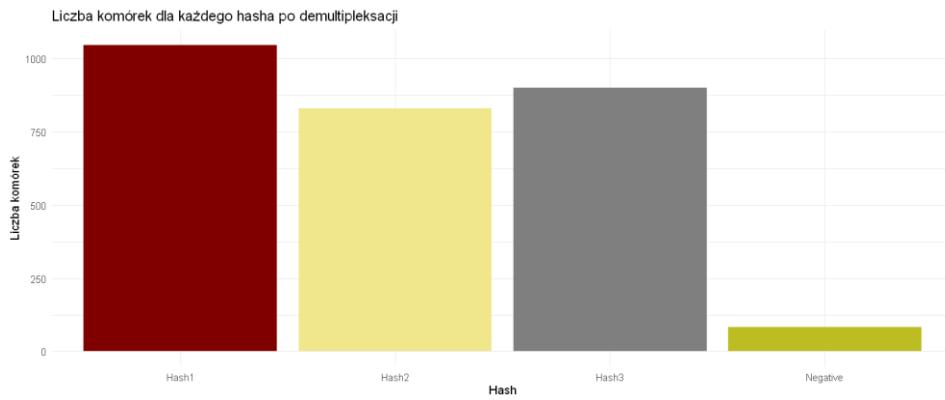
Rysunek 17. Wykres słupkowy przedstawiający liczbę komórek przypisanych do poszczególnych znaczników oligonukleotydowych po procesie demultipleksacji dla próbki 3. Wykres uwzględnia również komórki oznaczone jako negatywne, ponieważ sąbrane pod uwagę w dalszej analizie.



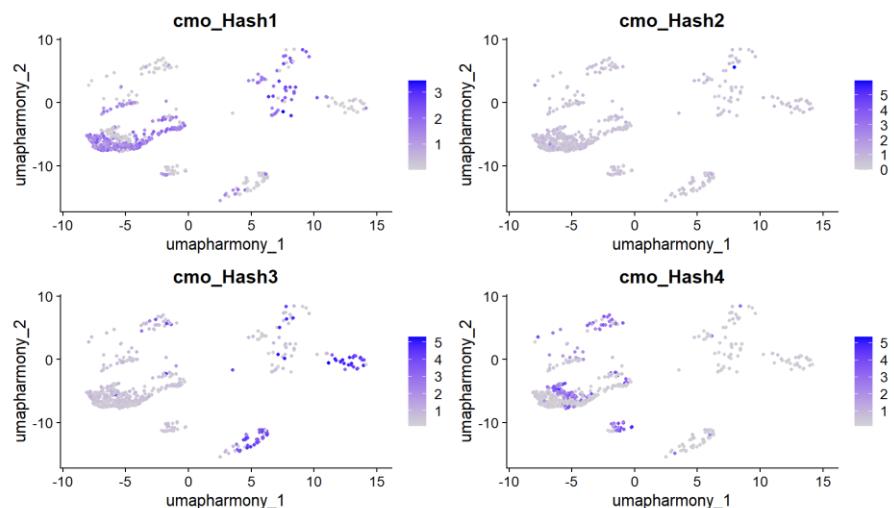
Rysunek 18. Wykres słupkowy przedstawiający liczbę komórek przypisanych do poszczególnych znaczników oligonukleotydowych po procesie demultipleksacji dla próbki 4. Wykres uwzględnia również komórki oznaczone jako negatywne, ponieważ sąbrane pod uwagę w dalszej analizie.



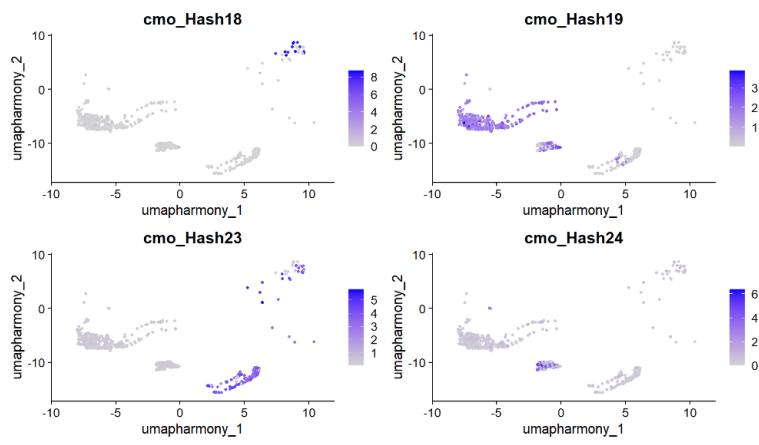
Rysunek 19. Wykres słupkowy przedstawiający liczbę komórek przypisanych do poszczególnych znaczników oligonukleotydowych po procesie demultiplesacji dla próbki 95. Wykres uwzględnia również komórki oznaczone jako negatywne, ponieważ sąbrane pod uwagę w dalszej analizie.



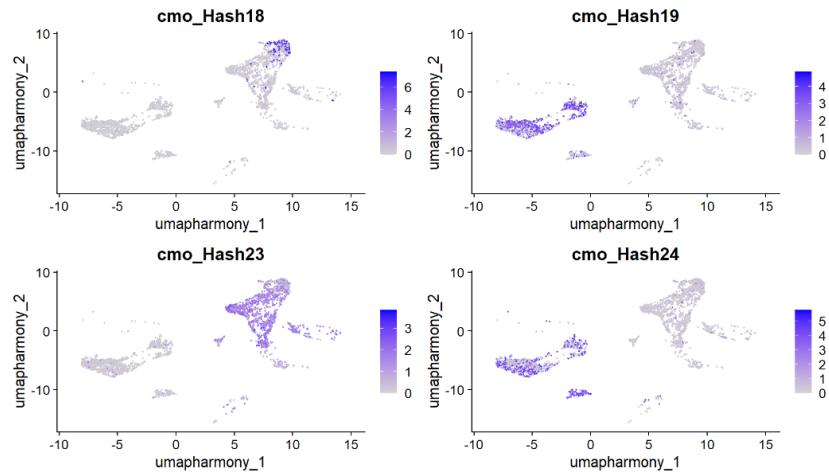
Rysunek 20. Wykres słupkowy przedstawiający liczbę komórek przypisanych do poszczególnych znaczników oligonukleotydowych po procesie demultiplesacji dla próbki 99. Wykres uwzględnia również komórki oznaczone jako negatywne, ponieważ sąbrane pod uwagę w dalszej analizie.



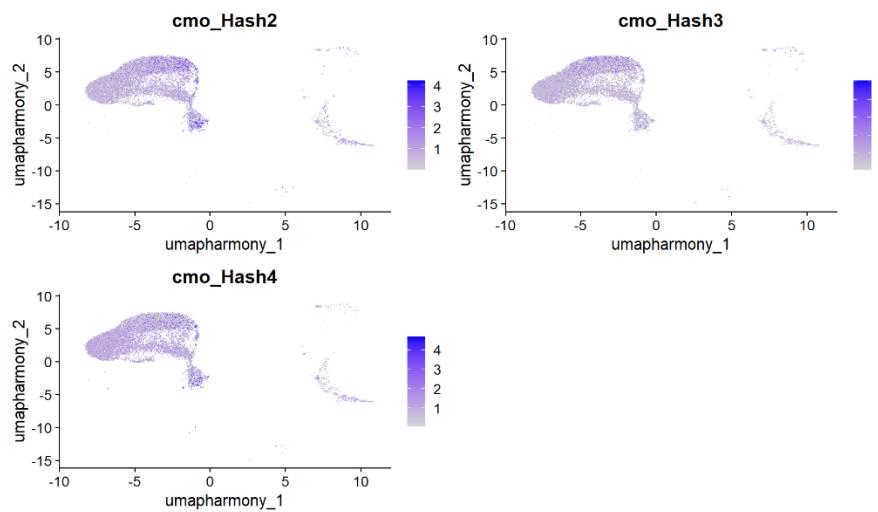
Rysunek 21. Wizualizacja ekspresji znaczników HTO dla próbki 2 na wykresie UMAP.



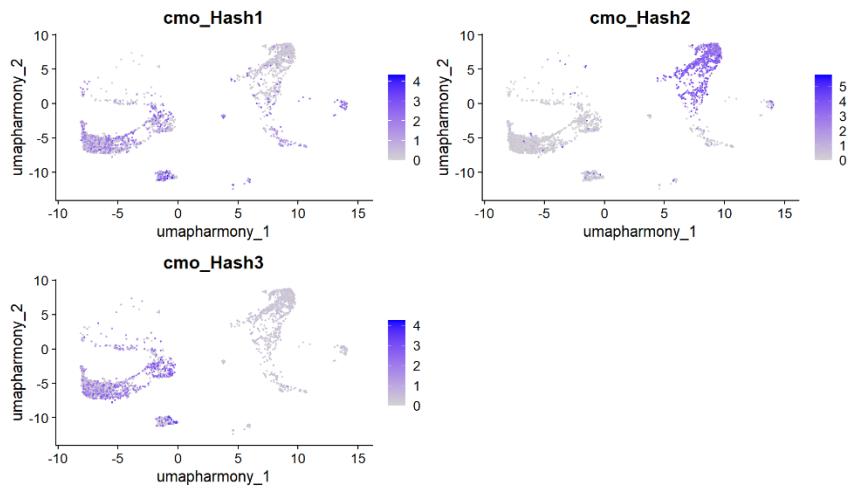
Rysunek 22. Wizualizacja ekspresji znaczników HTO dla próbki 3 na wykresie UMAP.



Rysunek 23. Wizualizacja ekspresji znaczników HTO dla próbki 4 na wykresie UMAP.



Rysunek 24. Wizualizacja ekspresji znaczników HTO dla próbki 95 na wykresie UMAP.

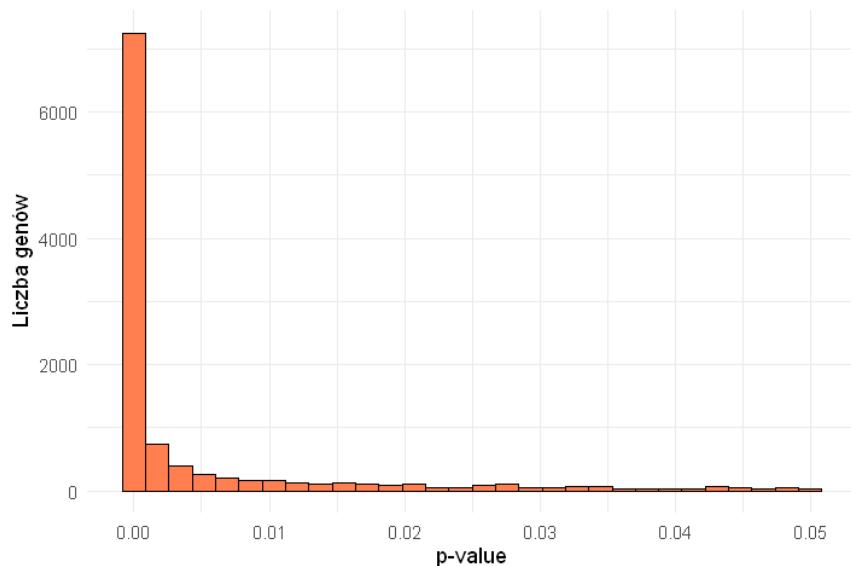


Rysunek 25. Wizualizacja ekspresji znaczników HTO dla próbki 99 na wykresie UMAP.

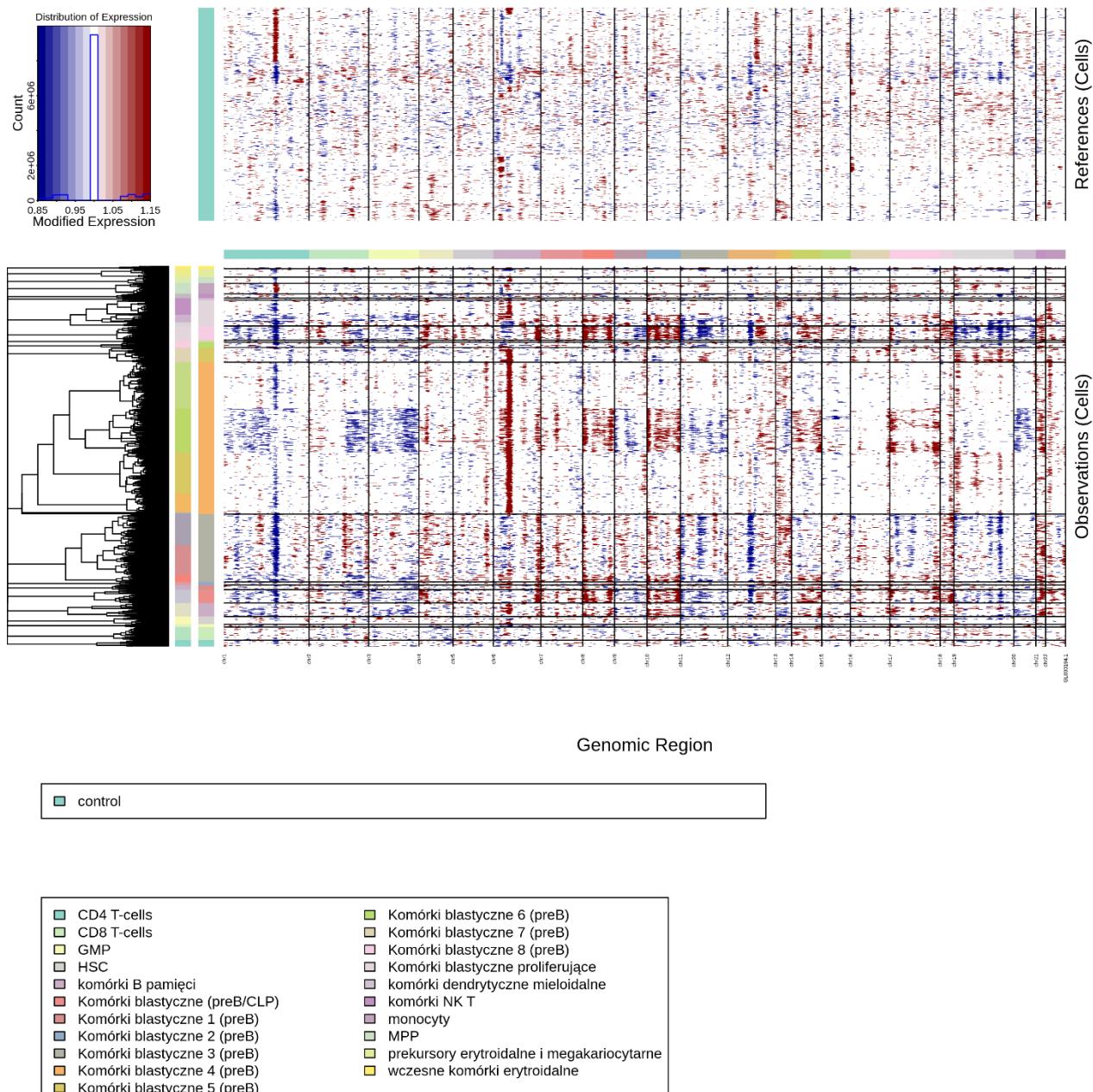
Tabela 1. Tabela przedstawiająca liczebność komórek w każdej subpopulacji według próbki.

Typ populacji	2	95	99	1	3	4
Komórki blastyczne (preB/CLP)	25	3580	9	0	0	0
Komórki blastyczne 1 (preB)	9	3489	24	3	3	3
Komórki blastyczne 2 (preB)	6	1815	18	1	0	6
HSC	15	27	517	467	23	472
Komórki blastyczne 3 (preB)	129	0	757	0	196	416
Komórki blastyczne proliferujące	49	511	274	54	21	220
monocyty	20	0	33	923	0	26
Komórki blastyczne 4 (preB)	289	0	260	51	93	299
MPP	12	2	144	294	4	509
prekursors erytroidalne i megakaryocytarne	16	4	159	317	2	314
CD4 T-cells	12	2	0	704	27	2
CD8 T-cells	25	3	10	493	90	19
wczesne komórki erytroidalne	5	56	45	350	1	156
komórki B pamięci	26	2	174	86	164	110
późne komórki erytroidalne	0	169	73	224	3	56
Komórki blastyczne 5 (preB)	28	212	43	171	2	28
GMP	5	0	5	328	0	97

komórki dendrytyczne plazmacytoidalne	1	0	12	214	0	44
Komórki blastyczne 6 (preB)	10	0	154	0	9	64
komórki NK T	8	3	4	126	26	7
Komórki blastyczne 7 (preB)	4	1	129	4	23	2
komórki dendrytyczne mieloidalne	4	0	2	75	0	16
aktywowane HSC	0	36	12	21	0	11
Komórki blastyczne 8 (preB)	27	0	0	0	0	0

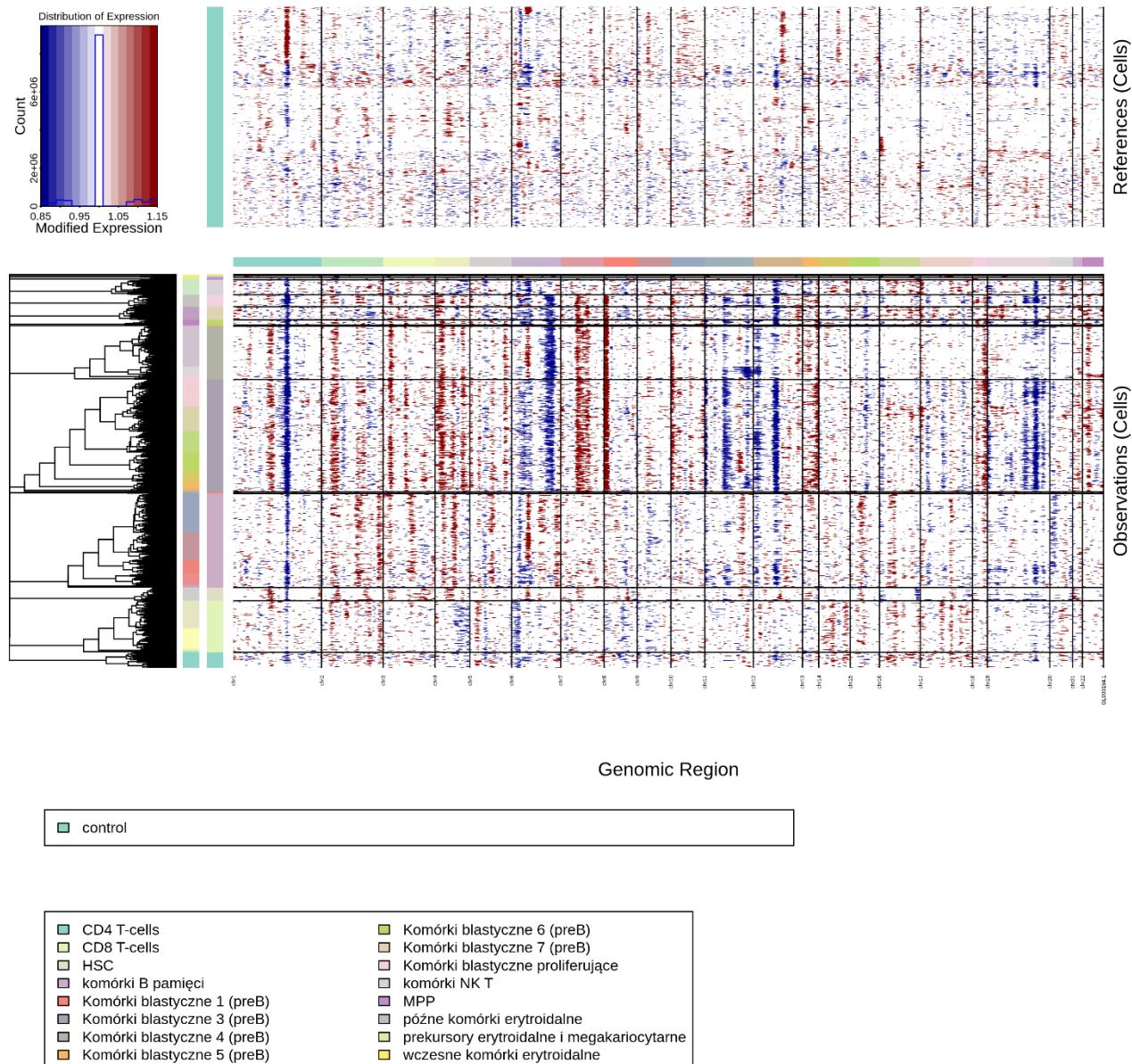


Rysunek 26. Rozkład wartości istotności statystycznej (p-value) dla genów różnicujących w populacji HSC. Na wykresie przedstawiono histogram rozkładu wartości p . W celu zwiększenia rygoru statystycznego analizy, ponieważ większość genów znajdowała się znacznie niżżej niż próg istotności 0.05, zdecydowano się na obniżenie progu istotności $p < 1e-20$.

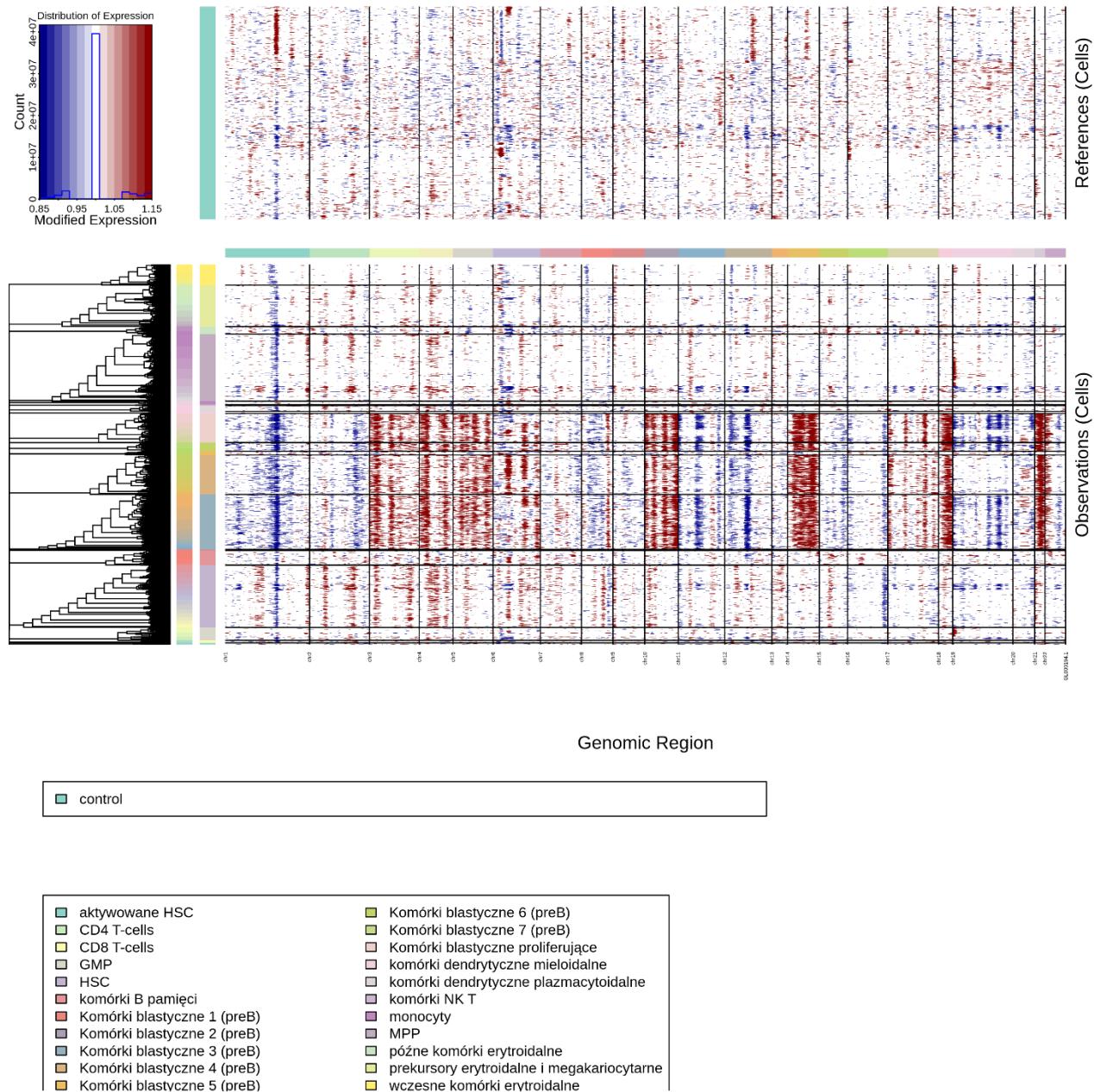


Rysunek 27. Analiza zmian liczby kopii genów (CNV) przeprowadzona za pomocą narzędzia

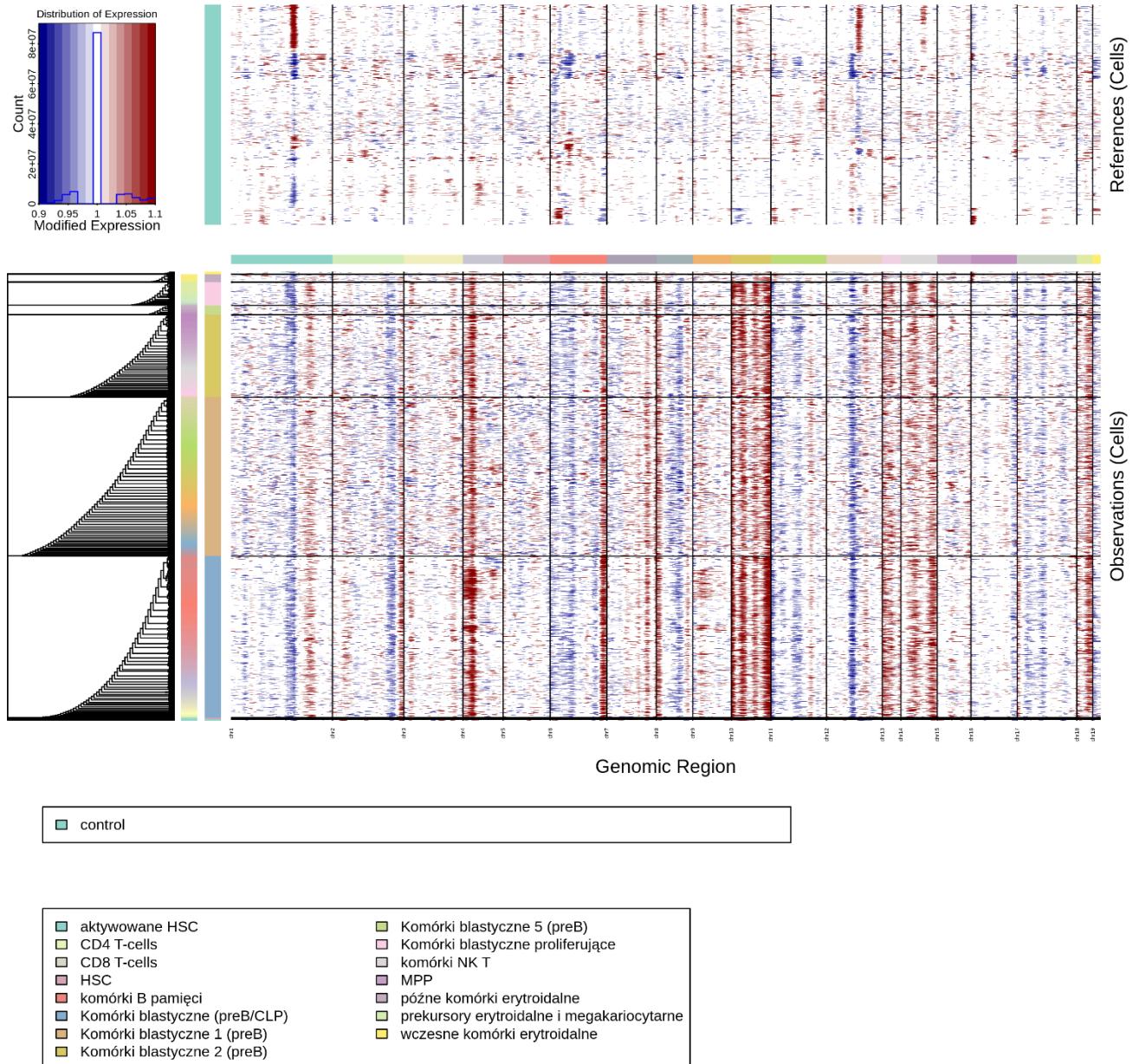
InferCNV dla próbki 2. Na wykresie przedstawiono profil zmian liczby kopii dla poszczególnych populacji komórkowych wzdłuż genomu. Każdy wiersz odpowiada pojedynczej populacji komórkowej a kolumny reprezentują chromosomy. Kolor czerwony wskazuje na potencjalne amplifikacje (zwiększenie liczby kopii), natomiast kolor niebieski na delekcje (utrata kopii).



Rysunek 28. Analiza zmian liczby kopii genów (CNV) przeprowadzona za pomocą narzędzia InferCNV dla próbki 3. Na wykresie przedstawiono profil zmian liczby kopii dla poszczególnych populacji komórkowych wzdłuż genomu. Każdy wiersz odpowiada pojedynczej populacji komórkowej a kolumny reprezentują chromosomy. Kolor czerwony wskazuje na potencjalne amplifikacje (zwiększenie liczby kopii), natomiast kolor niebieski na delecje (utrata kopii).

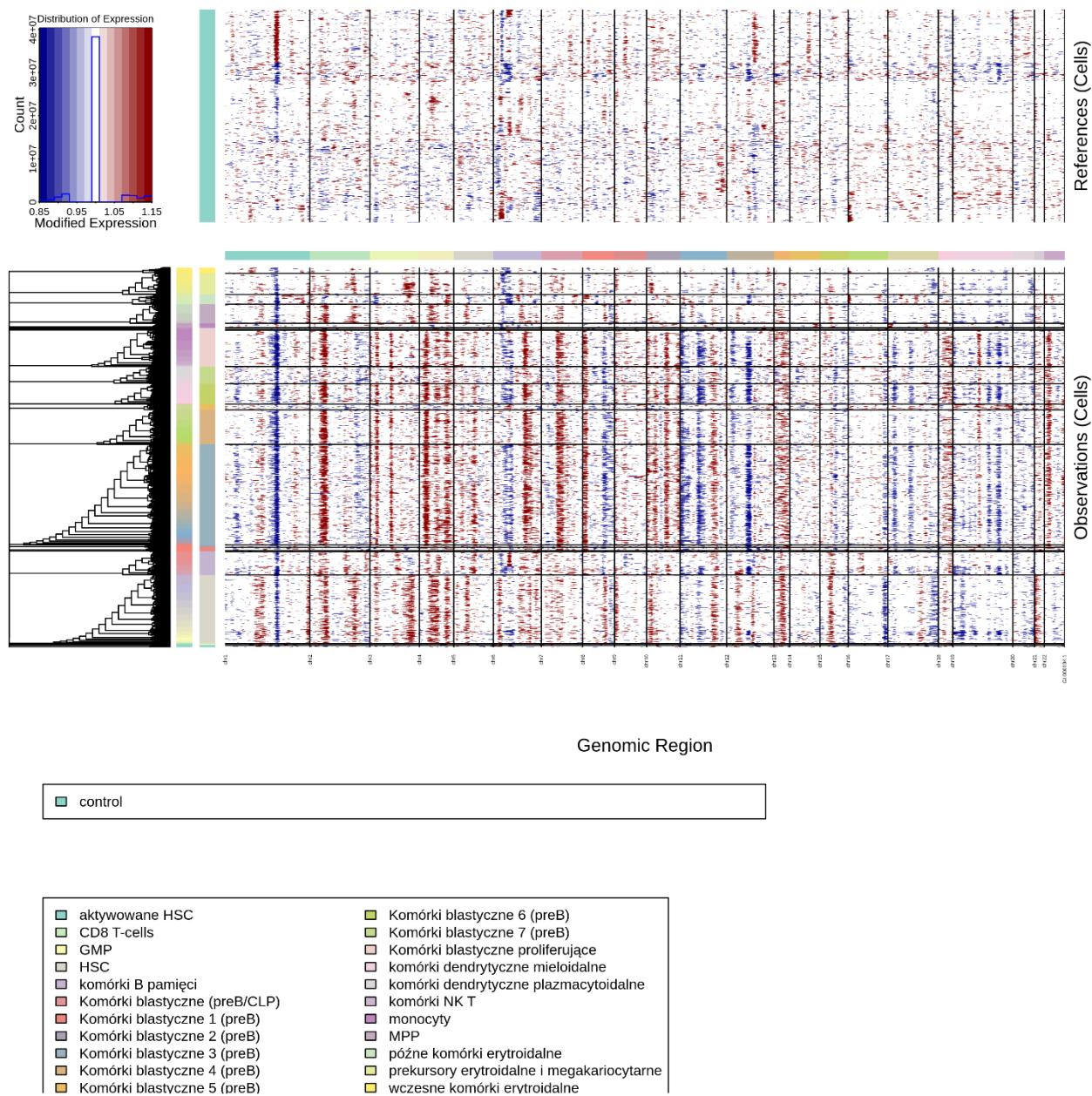


Rysunek 29. Analiza zmian liczby kopii genów (CNV) przeprowadzona za pomocą narzędzia InferCNV dla próbki 4. Na wykresie przedstawiono profil zmian liczby kopii dla poszczególnych populacji komórkowych wzduż genomu. Każdy wiersz odpowiada pojedynczej populacji komórkowej a kolumny reprezentują chromosomy. Kolor czerwony wskazuje na potencjalne amplifikacje (zwiększenie liczby kopii), natomiast kolor niebieski na delecje (utrata kopii).



Rysunek 30. Analiza zmian liczby kopii genów (CNV) przeprowadzona za pomocą narzędzia InferCNV dla próbki 95.

Na wykresie przedstawiono profil zmian liczby kopii dla poszczególnych populacji komórkowych wzduż genomu. Każdy wiersz odpowiada pojedynczej populacji komórkowej a kolumny reprezentują chromosomy. Kolor czerwony wskazuje na potencjalne amplifikacje (zwiększenie liczby kopii), natomiast kolor niebieski na delecje (utrata kopii).



Rysunek 31. Analiza zmian liczby kopii genów (CNV) przeprowadzona za pomocą narzędzia InferCNV dla próbki 99. Na wykresie przedstawiono profil zmian liczby kopii dla poszczególnych populacji komórkowych wzdułz genomu. Każdy wiersz odpowiada pojedynczej populacji komórkowej a kolumny reprezentują chromosomy. Kolor czerwony wskazuje na potencjalne amplifikacje (zwiększenie liczby kopii), natomiast kolor niebieski na delecje (utrata kopii).

InferCNV dla próbki 99. Na wykresie przedstawiono profil zmian liczby kopii dla poszczególnych populacji komórkowych wzdułz genomu. Każdy wiersz odpowiada pojedynczej populacji komórkowej a kolumny reprezentują chromosomy. Kolor czerwony wskazuje na potencjalne amplifikacje (zwiększenie liczby kopii), natomiast kolor niebieski na delecje (utrata kopii).