



**b) ARI scores on scRNA-seq datasets**

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
<b>Discover + GMM(*)</b>	0.45	0.28	<b>0.54</b>	0.14	0.25	<b>0.42</b>	0.27	0.32	0.28
<b>Discover + HDBSCAN</b>	0.07	0.02	0.08	0.06	0.07	0.12	0.04	0.01	0.01
PCA + Kmeans (*)	0.36	0.42	0.11	0.03	0.11	0.0	0.1	0.29	0.17
scedar	0.31	0.22	0.36	0.36	0.25	0.21	0.14	0.28	0.28
scRNA (*)	<b>0.67</b>	<b>0.53</b>	0.05	0.08	0.16	-0.15	0.27	0.65	0.46
raceid	0.64	0.47	0.4	0.46	0.24	0.29	<b>0.4</b>	0.26	0.36
Soup (*)	0.48	0.53	0.46	<b>0.79</b>	0.21	0.39	0.33	0.47	0.29
scanpy-seurat	0.45	0.43	0.49	0.39	<b>0.34</b>	0.15	0.34	<b>0.78</b>	<b>0.64</b>
Xgboost features + GMM (*)	0.8	0.69	0.78	0.74	0.65	0.52	0.29	0.28	0.32
Xgboost features + HDBSCAN	0.14	0.02	0.77	0.41	0.06	0.08	0.01	0.39	0.18
MI features + GMM (*)	0.91	0.88	0.97	0.86	0.75	0.61	0.52	0.82	0.41
MI features + HDBSCAN	0.44	0.61	0.96	0.82	0.87	0.9	0.26	0.65	0.4