

# Chapitre 2 - Annexe C : Détails des résultats

Gurvan Hermange

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Superposition de l'évolution des intensité par souris</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Comparaison des trajectoires d'évolution des intensités des marqueurs</b>	<b>4</b>

## Contenu de l'annexe

Dans cette annexe, nous détaillons les résultats obtenus pour l'ensemble des marqueurs étudiés.

# 1 Superposition de l'évolution des intensité par souris

Au chapitre 2, nous avons présenté la trajectoire d'évolution de certains marqueurs de surface pour la souris WT # 206.

Ici, nous présentons pour chaque souris, la trajectoire conjointe d'évolution des intensités de tous les marqueurs de surface considérés.

Ces trajectoires sont tracées après correction de l'effet batch sur l'axe des  $r$  (correction de l'effet batch sur la trajectoire de différenciation), mais avant correction des des intensités (sans quoi nous aurions les même tracés pour les souris WT).

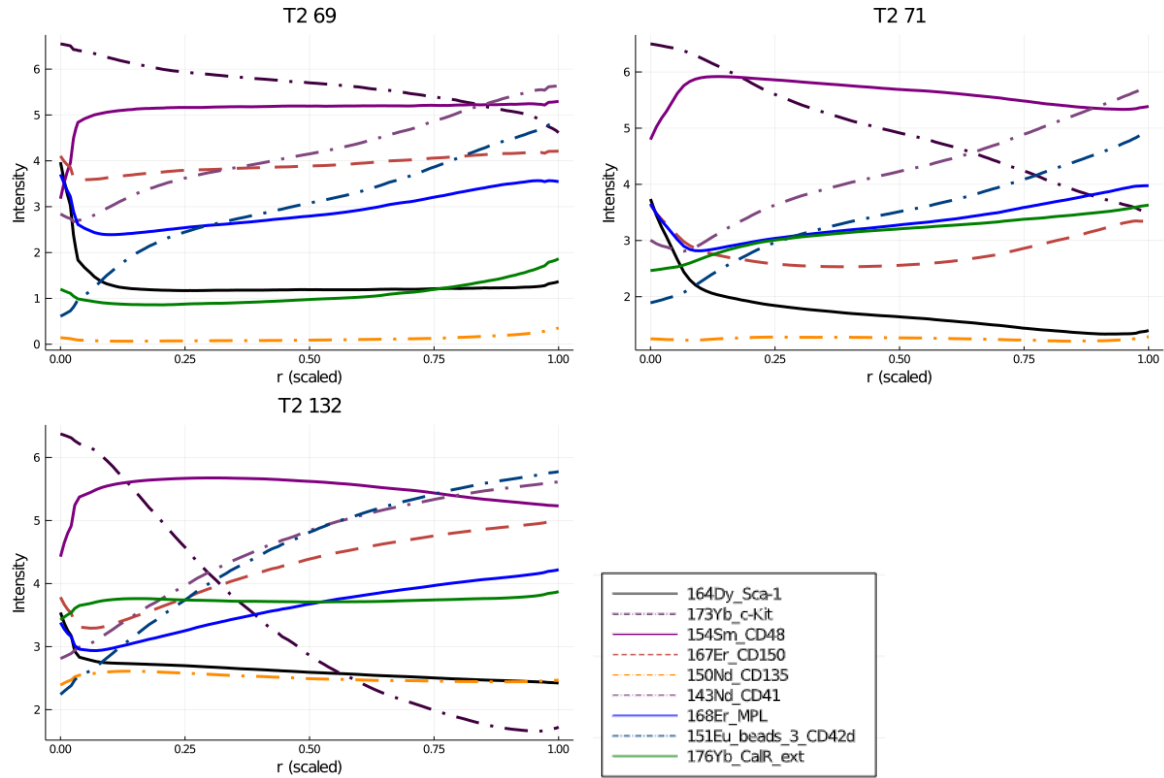


FIGURE 1 – Souris T2

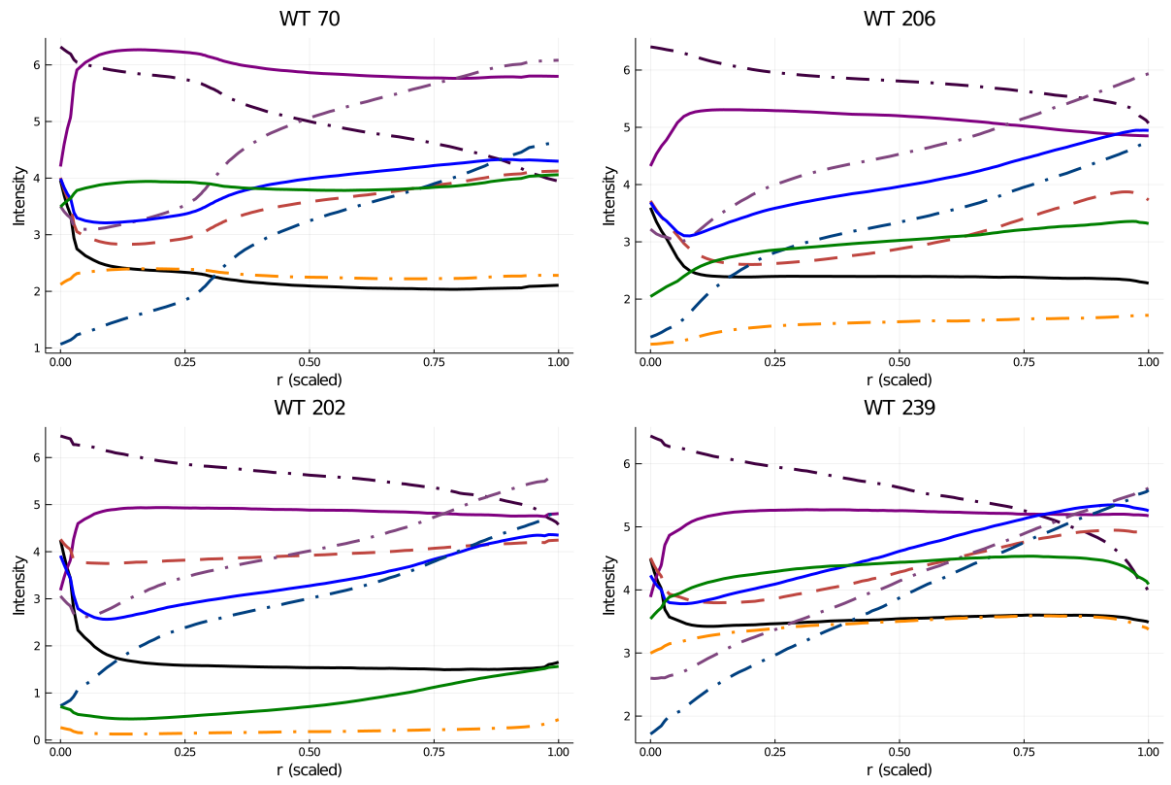


FIGURE 2 – Souris WT

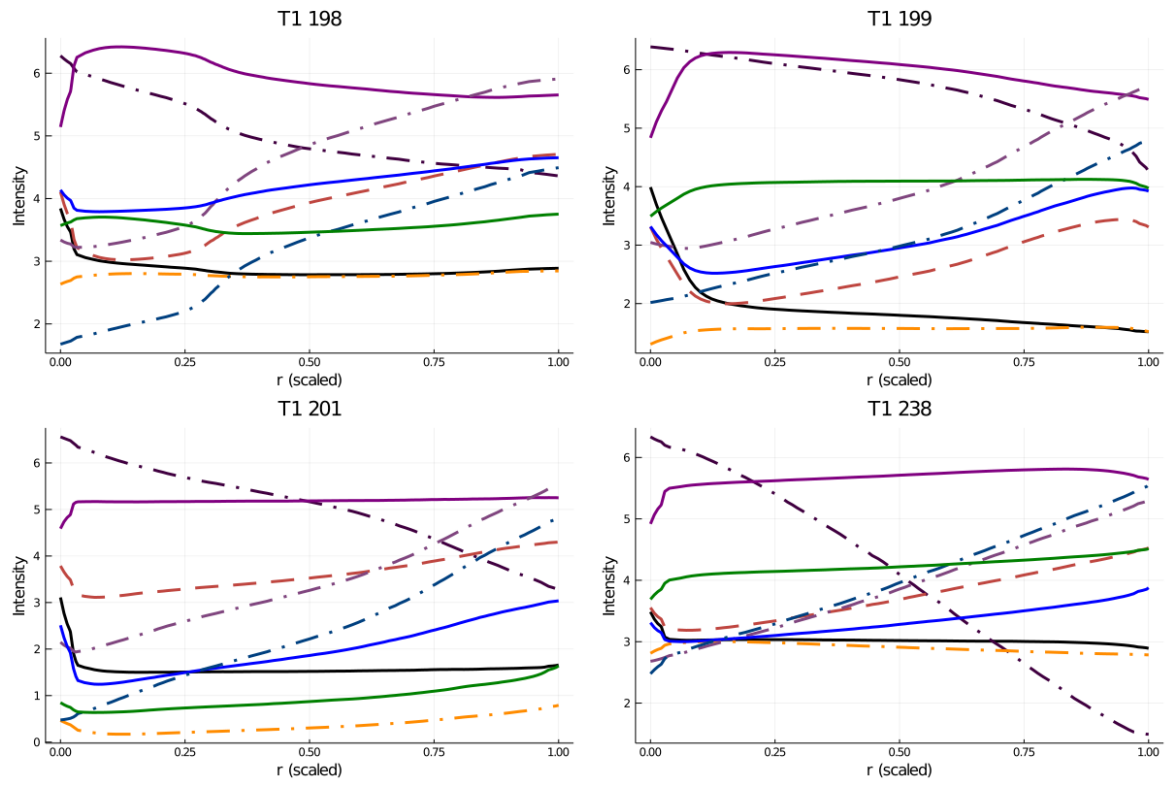


FIGURE 3 – Souris T1

## 2 Comparaison des trajectoires d'évolution des intensités des marqueurs

Au chapitre 2, nous avons illustré notre méthode en montrant les trajectoires d'évolution pour certains marqueurs, en comparant les différentes souris ensemble, voire en poolant les résultats lorsque cela se justifiait.

Ici, nous présentons les résultats pour tous les marqueurs. Pour chacun, nous montrons l'évolution de son intensité pour chacune des souris (après correction des effets batchs, tant pour l'axe  $r$  que pour les intensités, ce qui conduit à une superposition des 3 trajectoires WT), ainsi qu'en poolant les souris par génotype.

Pour rappel, les souris étudiées sont celles de la table 1.

ID	Batch	Génotype	$N_c$
#202	1	WT	10,598
#201	1	T1	8,826
#69	1	T2	11,013
#206	2	WT	43,382
#199	2	T1	15,032
#71	2	T2	30,355
#70	3	WT	86,512
#198	3	T1	156,349
#239	4	WT	145,521
#238	4	T1	102,668
#132	4	T2	166,937

TABLE 1 – Liste des souris. Pour chacune, on indique le batch auquel elle appartient, son génotype (à savoir : si elle est WT ou mutée  $CALR^m$  de type T1 ou T2), ainsi que la quantité de cellules Lin-  $N_c$  à disposition après les différentes étapes de prétraitement.

