



UNIL | Université de Lausanne

Faculté de biologie
et de médecine

Soutenance de thèse

Madame Mariia Bilous

Master de sciences, technologies, santé
Université Paris-Saclay, France

Soutiendra en vue de l'obtention du grade de
Doctorat ès sciences de la vie (PhD)
de l'Université de Lausanne

sa thèse intitulée :

Simplifying complex scRNA-seq data with metacells

Directeur·trice de thèse :

Monsieur le Professeur
David Gfeller

Cette soutenance aura lieu

**Vendredi 3 juin 2022
à 17h00**

Auditoire Paternot, AGORA, Rue du Bugnon 25A, 1005 Lausanne

L'entrée est publique

Prof. Niko GELDNER
Directeur de l'École Doctorale

20.05.22

Simplifier les données scRNA-seq complexes avec les métacells

Mariia Bilous, Département d'Oncologie Fondamentale, FBM, UNIL

Les technologies de séquençage de l'ARN à l'échelle de la cellule (scRNA-seq) révolutionnent les études biologiques en fournissant des informations sur le transcriptome à une résolution cellulaire. De telles données sont difficiles à analyser en raison du bruit technique élevé et de la grande échelle des données scRNA-seq. Pour répondre à ce problème, la première partie de cette thèse propose une approche globale pour simplifier ces données complexes en fusionnant les informations provenant de cellules biologiquement similaires en métacells. Les résultats démontrent que les métacells peuvent être utilisées pour l'analyse des données scRNA-seq à la place des cellules individuelles tout en la facilitant et en l'accéléralant. Par conséquent, les métacells constituent un compromis entre le niveau des cellules individuelles dont le signal est hautement bruité et éventuellement redondant et le niveau trop simplifié des cellules groupées par types cellulaires. La deuxième partie de cette thèse démontre comment les données scRNA-seq peuvent être utilisées pour identifier et caractériser un sous-type de cellules immunitaires peu étudié, appelé cellules T CD4 cytolytiques.

Dans l'ensemble, cette thèse fournit une approche globale pour simplifier les données scRNA-seq complexes qui facilite et accélère l'analyse, et démontre la puissance des données scRNA-seq pour étudier une population de cellules mal définie.