



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Comparative visual analytics for multi-modal single-cell and spatial omics data

Basu, S.

Citation

Basu, S. (2026, September 15). *Comparative visual analytics for multi-modal single-cell and spatial omics data*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/4310004>

Version: Publisher's Version

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/4310004>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

SAMENVATTING

Dit proefschrift ontwikkelt een interactief visual-analytics-systeem voor de vergelijkende analyse van meersoortige hersenatlassen. Recente vooruitgang in single-cell- en spatial transcriptomics maakt het mogelijk om genexpressie en celtypeorganisatie systematisch tussen soorten te bestuderen. Tegelijkertijd zijn deze datasets groot, heterogeen en moeilijk te interpreteren met statische, batchgerichte workflows. Het centrale doel van dit proefschrift is het ontwerpen van meerdere interactieve modaliteiten binnen één geïntegreerd analytisch systeem ter ondersteuning van exploratieve cross-speciesanalyse van transcriptomische en ruimtelijke data.

Het werk is uitgevoerd in nauwe samenwerking met domeinexperts en volgt een design-study-methodologie. Eerst worden de belangrijkste uitdagingen in de vergelijkende analyse van hersenatlassen in kaart gebracht: inconsistente gendeckking, uiteenlopende celtypetaxonomieën, heterogene experimentele platforms en continue ruimtelijke organisatie die slecht wordt weergegeven door discrete clustering. Deze uitdagingen vragen om interactieve benaderingen die snelle hypothesevorming, iteratieve verfijning en visuele validatie van computationele resultaten mogelijk maken.

Hoofdstuk 2 introduceert Cytosplore Simian Viewer, een systeem voor paargewijze vergelijking van single-cell transcriptomicadatasets tussen soorten. Via gekoppelde weergaven van celtypehiërarchieën, genexpressieprofielen en soortspecifieke distributies ondersteunt het systeem de interactieve identificatie van geconserveerde en divergente patronen. Validatie op data van de primatenkortex laat zien dat interactieve analyse bevindingen uit grootschalige vergelijkende studies kan reproduceren en aanvullende inzichten kan opleveren.

Hoofdstuk 3 breidt deze vergelijkende scope uit naar bredere fylogenieën met Cytosplore EvoViewer. Door evolutionaire relaties rechtstreeks in de visuele workflow te integreren, maakt het systeem fylogeniebewuste verkenning van conservatie en divergentie over meerdere soorten mogelijk. Interactieve queries op takken van de fylogenie helpen bij het identificeren van lijnspecifieke patronen. Een expert-beoordeling bevestigt de analytische waarde van deze aanpak, maar wijst ook op schaalbeperkingen door in-memory dataverwerking.

Hoofdstuk 4 presenteert Cytosplore Gradient Surfer, een interactieve methode voor het vergelijken van spatial-transcriptomics-datasets. Gebruikers kunnen ruimtelijke richtingen in een referentiedataset verkennen, gradient-geassocieerde genen identificeren en deze projecteren op andere datasets via een gedeelde feature-ruimte. Dit maakt vergelijkingen tussen datasets mogelijk, zelfs wanneer weefselgeometrie en genpanelen verschillen. Validatie op meerdere ruimtelijke modaliteiten

laat zien dat bekende biologische gradiënten worden teruggevonden en dat de methode robuust is tegen rotatie, subsampling en gedeeltelijke genoverlap.

Hoofdstuk 5 introduceert Cytosplore Viewer als een modulair raamwerk dat transcriptomische, evolutionaire, ruimtelijke en regulatoire componenten samenbrengt in één consistente interactieve omgeving. Door genexpressie, fylogenetische context, ruimtelijke organisatie en chromatin toegankelijkheid te verbinden via uniforme interactieprincipes kunnen onderzoekers hun interpretaties iteratief verfijnen met behoud van biologische context.

Samengenomen tonen deze bijdragen aan dat interactieve visual analytics de interpreteerbaarheid, flexibiliteit en vergelijkende kracht van grootschalig onderzoek naar hersenatlassen aanzienlijk vergroot. Het proefschrift benoemt tevens toekomstige richtingen, waaronder schaalbaar out-of-core datamanagement, echte multi-soortalignering buiten paargewijze workflows, automatische ruimtelijke registratie, bredere gebruikersstudies en verbeterde strategieën voor ruimtelijke projectie en regulatoire koppelingen.