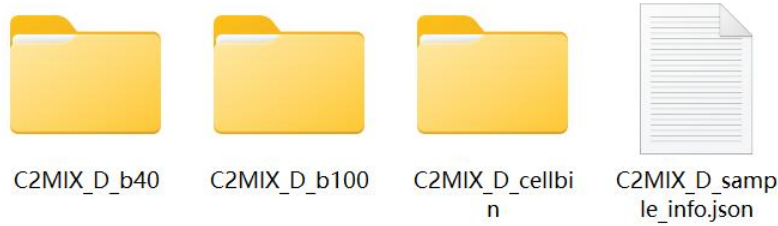


赛陆空间转录组可视化软件使用手册

【下载可视化数据】

Zarr 格式的可视化数据位于空间转录组流程结果输出目录下的 `results/05tissue_cut` 下，需将整个 `visual_data` 目录下载至本地。

其中包含 3 个文件夹（对应 `b40`、`b100` 以及 `cellbin`）和 1 个文件（`info.json`），如下图所示：



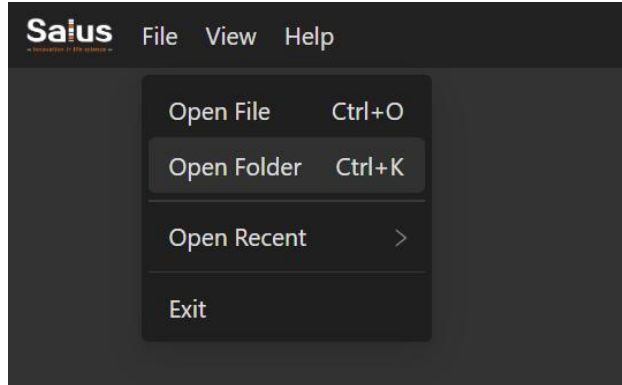
提示：`visual_data` 包含大量文件，建议先将其打包压缩后传输到本地再解压还原，可有效减少传输时间。

压缩命令：`tar -zcvf visual_data.tar.gz visual_data`

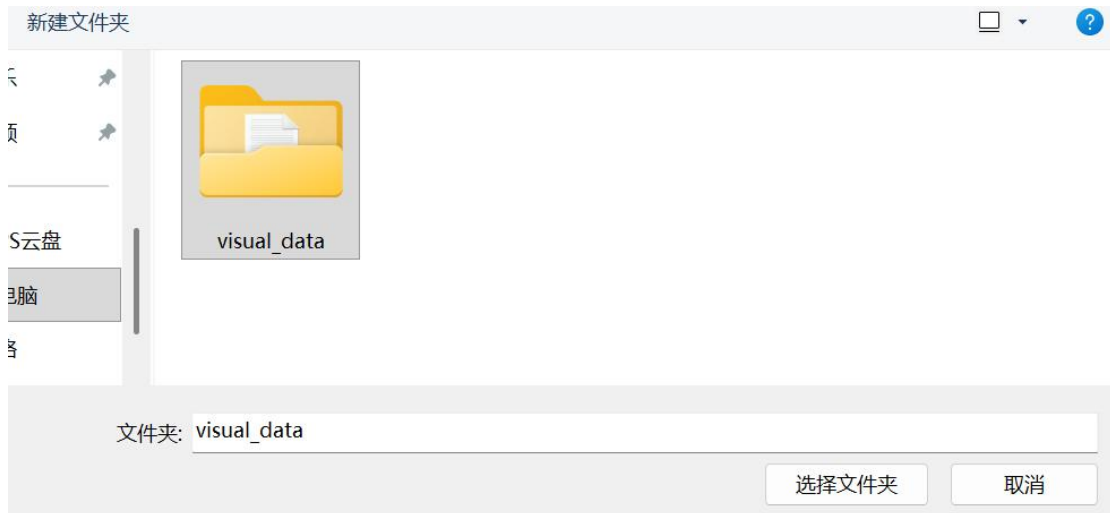
之后下载 `visual_data.tar.gz` 到本地再解压即可。

【打开可视化数据】

打开可视化软件，在左上角的菜单栏依次点击 `File / Open Folder`，并在弹出的“选择文件夹”对话框选择下载得到的 `visual_data` 目录。如下图所示：



选择 `visual_data`，不要进一步选择内部文件夹：



打开效果如下，主要包括选项栏以及下方的 A-E 共 5 个子窗口（绿色字体标示）。

快速功能说明：

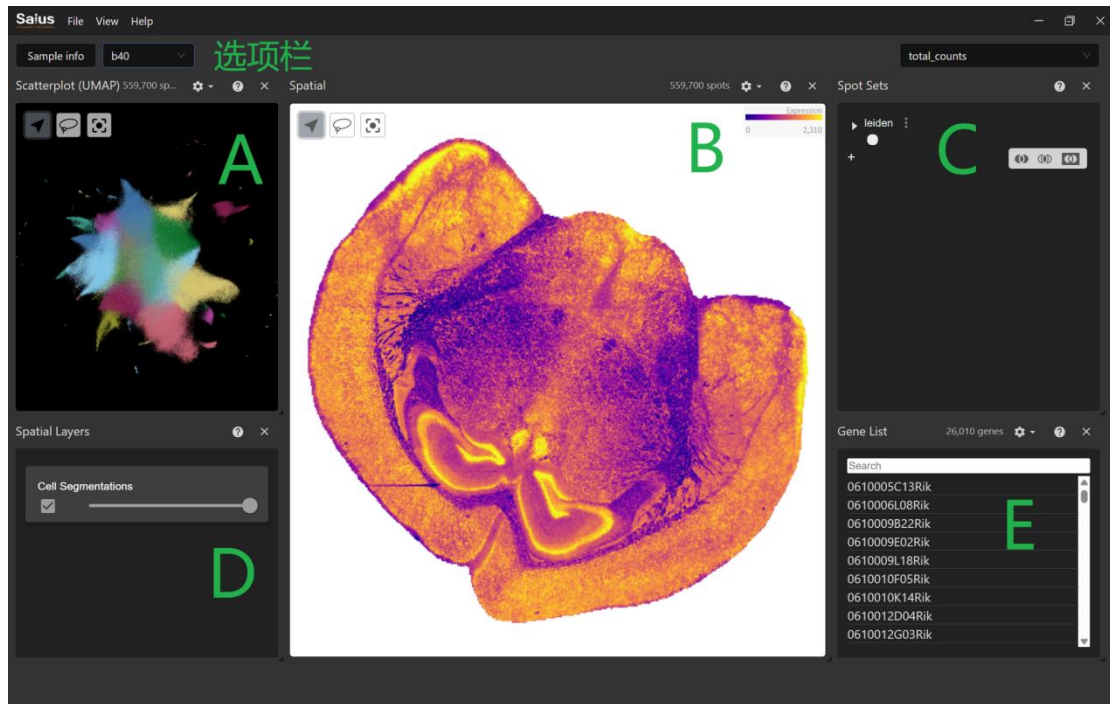
子窗口 A：显示 bin 在 UMAP 空间的分布；

子窗口 B：显示 bin 在物理空间的分布；

子窗口 C：圈选的 bin 集合管理；

子窗口 D：细胞轮廓的显示设定；

子窗口 E：基因选定。



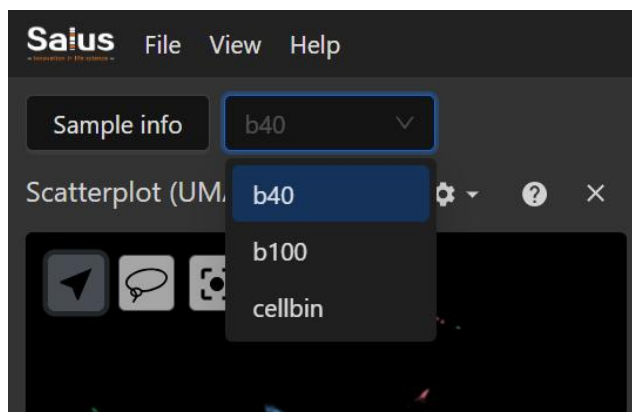
具体各部分的介绍如下：

1. 选项栏：

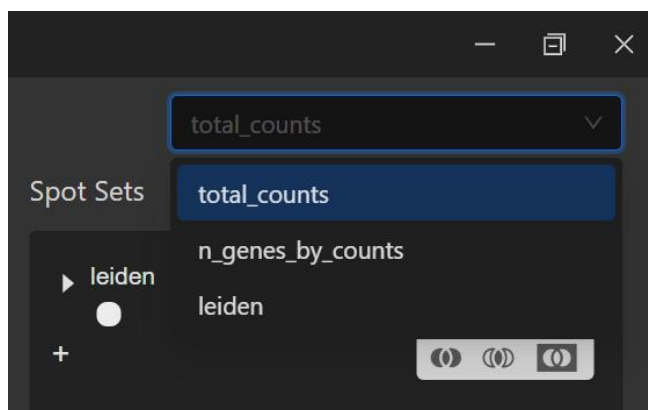
> 点击选项栏最左边的 Sample info 按钮，可查看样本的相关信息。如下图：

Sample information	
Path	[Redacted]
chipZone	D
sampleID	C2MIX
version	v1.0
createTime	Thu Apr 23 02:15:03 2026

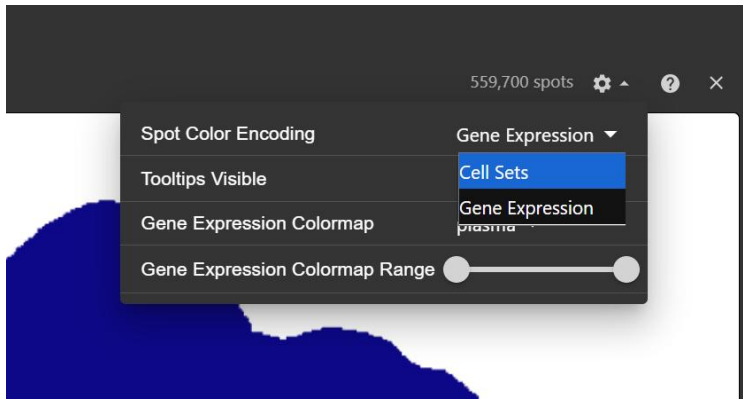
> 点击 b40 下拉框可切换其他分辨率的可视化结果。如下图：



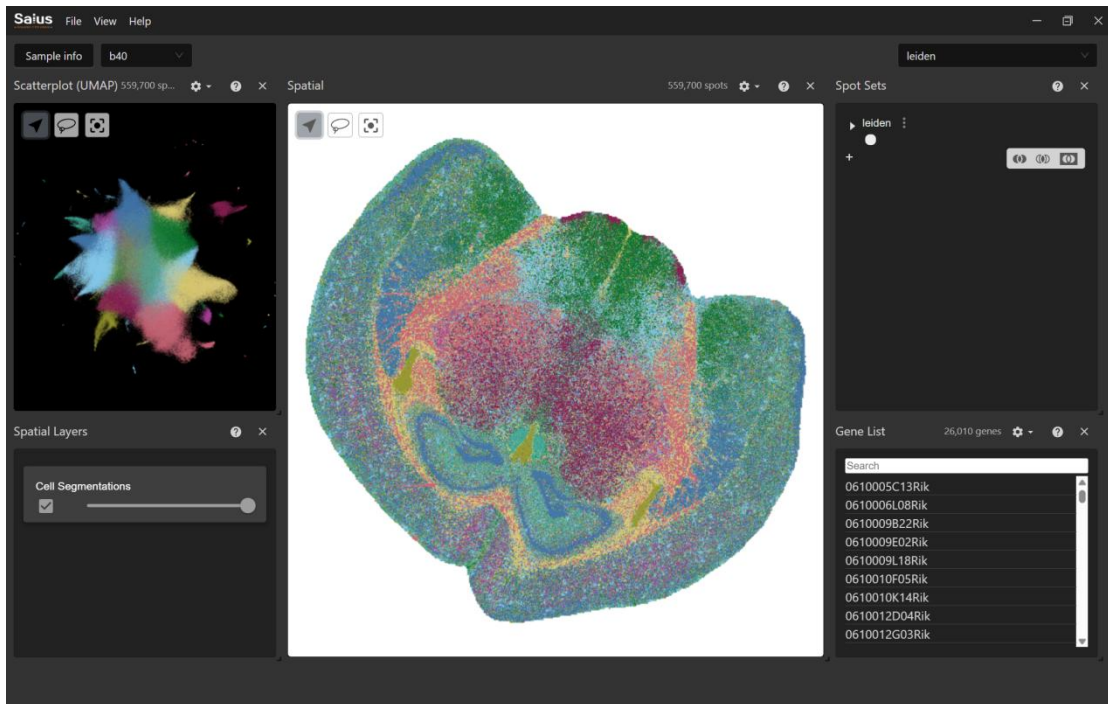
> 点击选项栏最右侧的 total_counts 下拉框可切换要显示的数据类型：total_counts（每个 bin 的 UMI 计数）/ n_genes_by_counts（每个 bin 的基因计数）/ leiden（每个 bin 的无监督聚类类别）。如下图：



注意，选择 leiden 后，需在子窗口 B 上方的齿轮处进一步设置才能正常显示。具体来说，需要将 Spot Color Encoding 的值设为 Cell Sets：

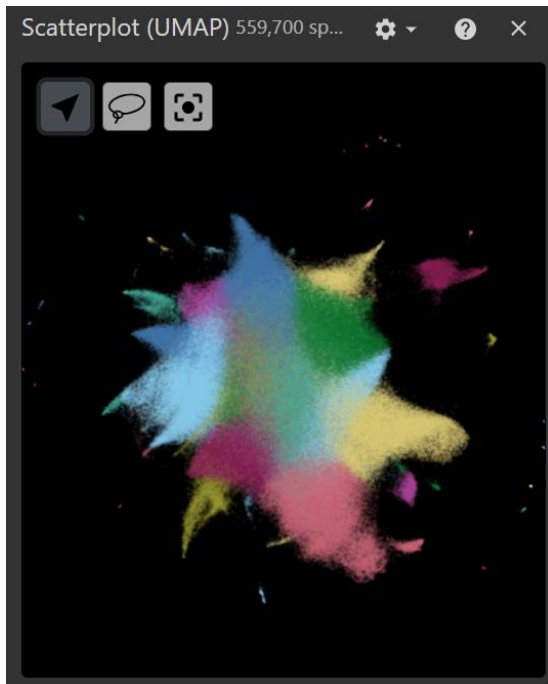


最后显示效果如下所示：



2. 子窗口 A - Scatterplot (UMAP)

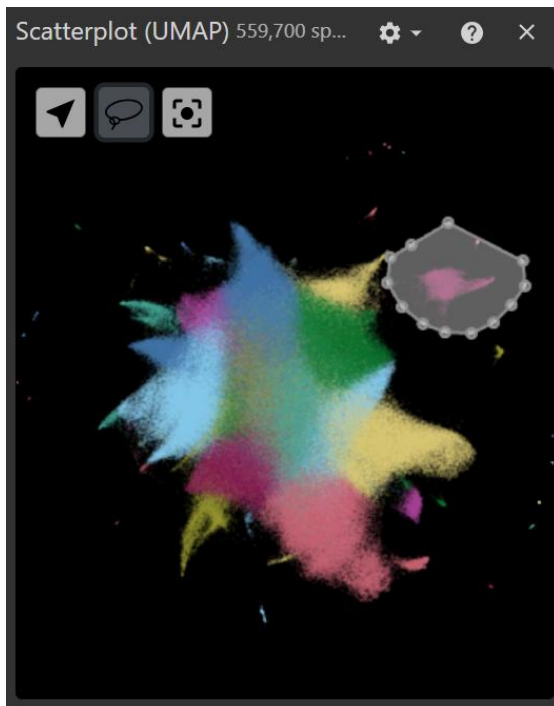
子窗口 A 显示 bin 的 UMAP 空间分布，颜色对应 leiden 属性，来源于无监督聚类类别。如下图所示：



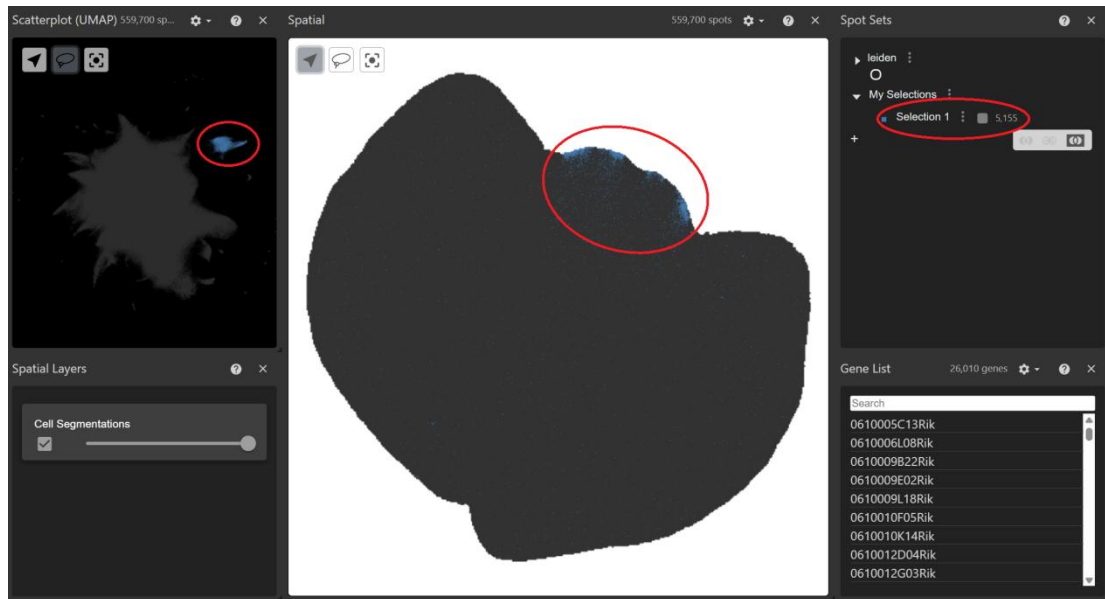
子窗口 A 左上角有三个按钮：箭头、套索及还原。

> 箭头按钮：点击箭头按钮（默认状态）后，可移动，放大以及缩小显示的内容。

> 套索按钮：点击套索按钮后，光标形状将变成十字形状，按住右键移动可圈选特定范围的点，如下图所示：



松开右键后，被选中的点用特定颜色标示，其他用灰色标示。同时，这些被选中的点将保存为一个集合（Section），在子窗口 C 显示为列表，点击该列表将在子窗口 B 中凸显其空间分布。如下图红圈处所示：



在子窗口 C 中点击 **leiden**，将恢复显示聚类类别信息。

> 还原按钮：还原窗口 A 的坐标范围至默认状态。

此外，点击子窗口上方的齿轮按钮，可更细致地调整显示的内容，具体说明如下：

Spot Color Encoding: 颜色对应的属性：Cell Sets（无监督聚类类别）/ Gene Expression（子窗口 E 选择某个基因时有效）；

Spot Set Labels Visible: 是否显示无监督聚类类别标签；

Tooltips Visible: 是否同步标注光标所在点的空间位置（在子窗口 B 中用十字线标示）；

Spot Set Label Size: 无监督聚类类别标签的字体大小，过大时会导致标签位置错位；

Spot Set Polygons visible: 是否用折线圈选每个类别点的范围；

Spot Radius Mode: 点的大小模式：Auto（自动）/ Manual（手动）；

Spot Radius Size: 点的大小，仅 Spot Radius Mode 设为 Manual 有效；

Spot Opacity Mode: 点的透明度模式：Auto（自动）/ Manual（手动）；

Spot Opacity Level: 点的透明度，仅 Spot Opacity Mode 设为 Manual 有效；

Gene Expression Colormap: 基因表达量热图色谱；

Gene Expression Colormap Range: 选取基因表达量的分位数范围；

Points Visible: 是否显示点；

Contours Visible: 是否用等高线显示类别密度；

Contours Filled: 是否填充等高线，仅 Contours Visible 被选中时有效；

Contour Color Encoding: 等高线颜色的关联属性：Sample sets（样本）/ Spot Sets（聚类类别）/ Static color（静态颜色）；

Feature Aggregation Strategy: 未支持。

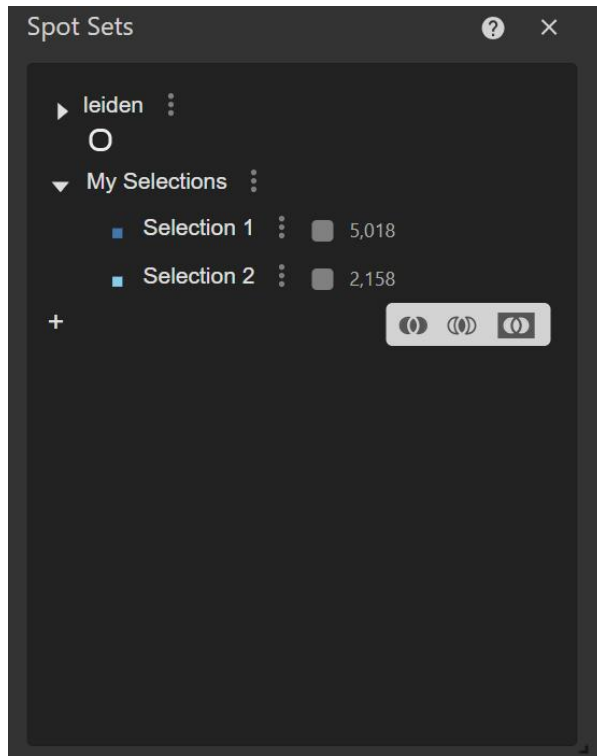
3. 子窗口 B - Spatial

子窗口 B 显示 bin 的空间分布。默认情况下，点的颜色对应 bin 的 UMI 计数。可通过上方的齿轮按钮或子窗口 C 来切换颜色对应的属性。子窗口 B 的操作与子窗口 A 类似，不再赘述。

4. 子窗口 C - Spot Sets

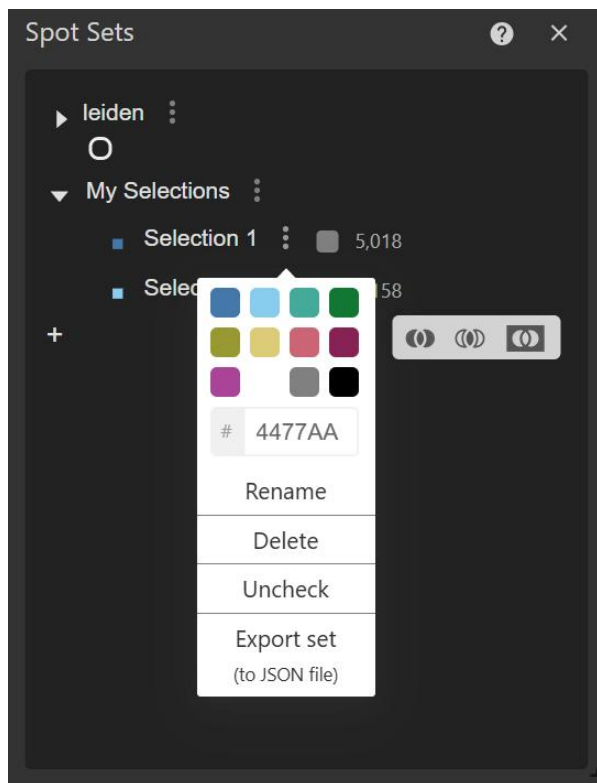
子窗口 C 除了提供 **leiden** 的显示按钮外，还列出圈选的 bin 的集合（在圈选 bin 后）。如下

图所示:



Leiden: 点击后子窗口 A&B 中点的颜色显示为聚类类别, 点击右侧三点按钮可将信息导出到文件;

My Selections: 圈选得到的 bin 集合, 通过选中/取消不同 Selection 的复选框, 可控制子窗口 A&B 要凸显的点。右侧的三点按钮提供更多选项, 如下图所示:



颜色按钮/RGB 代码输入框: 指定该集合的点用何种颜色显示;

Rename: 重命名集合；

Delete: 删除集合，为防止误操作，需点击两次；

Uncheck: 取消选中；

Export set: 导出为 JSON 文件。

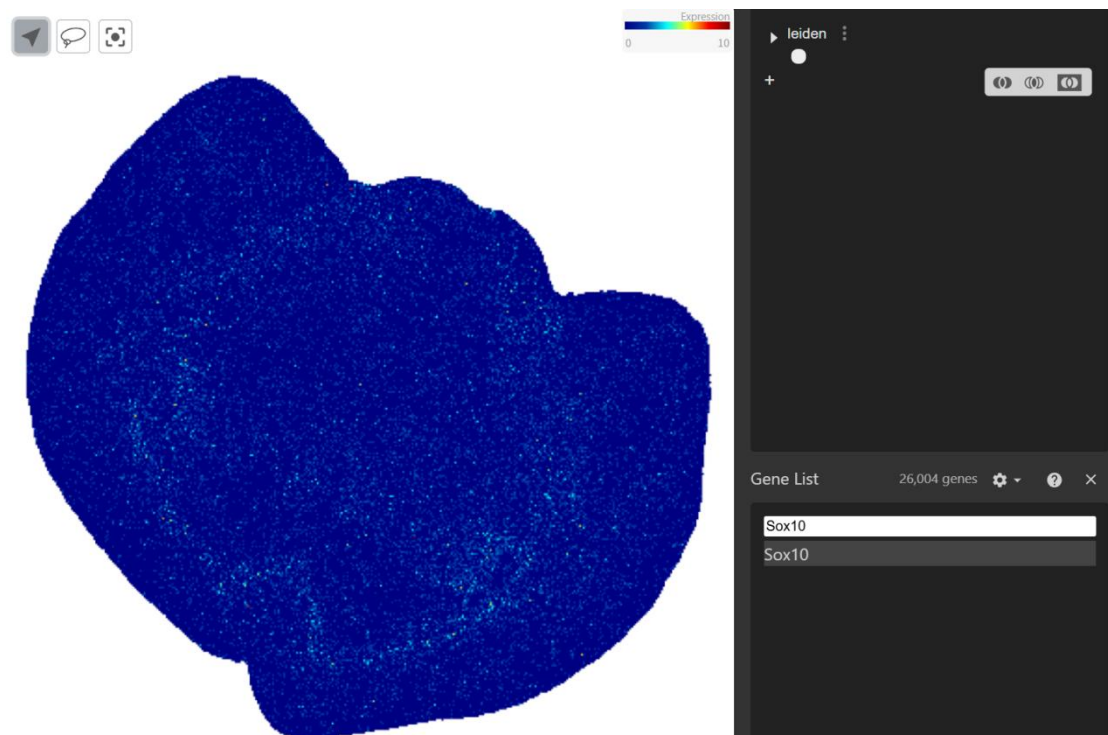
5. 子窗口 D - Spatial Layers

子窗口 D 的设定值主要影响子窗口 B 的内容。

Cell Segmentations: 是否显示 bin 及其透明度。

6. 子窗口 E - Gene List

子窗口 E 可选定特定基因，并在子窗口 B 中显示该基因的 UMI 计数分布。如下图所示：



通过在基因名列表中点击某个基因名可在子窗口 B 中显示其 UMI 计数的空间分布。此外，在搜索框中输入基因名可快速定位该基因。

其上方的齿轮按钮提供了以下选项：

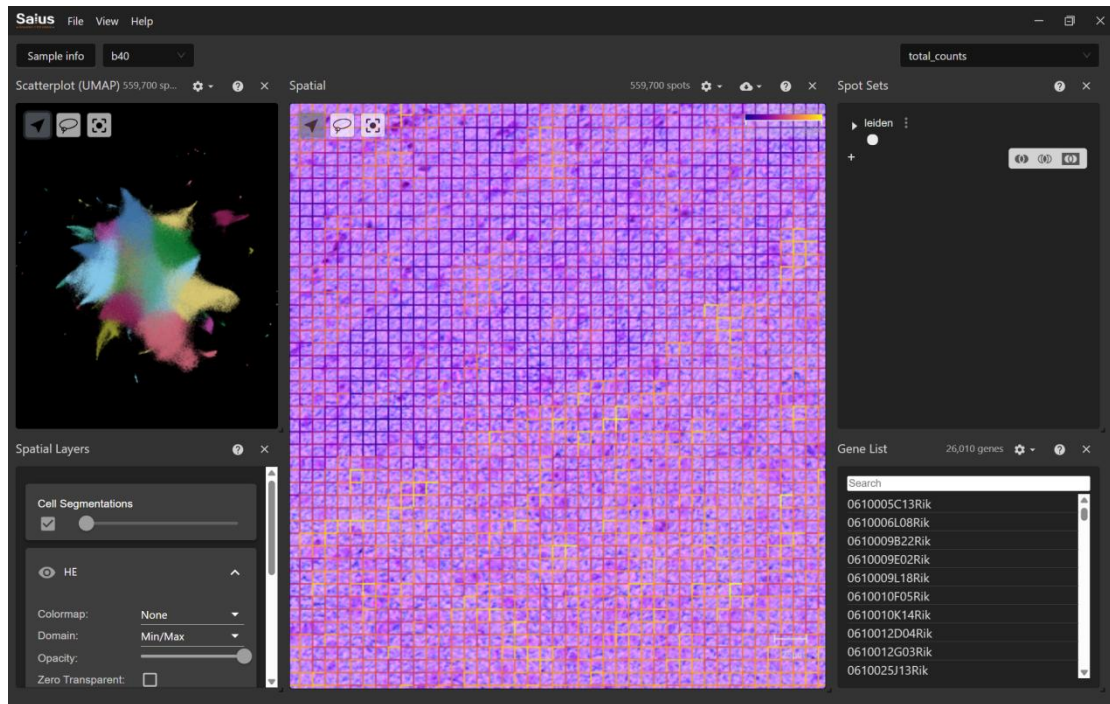
Sort Ordering: 基因的排序方式： **alphabetical**（按字母顺序） / **original**（原始顺序）；

Sort Key: 排序所参考的值： Gene ID / Alternate ID（如有），仅 Sort Ordering 设为 alphabetical 时有效；

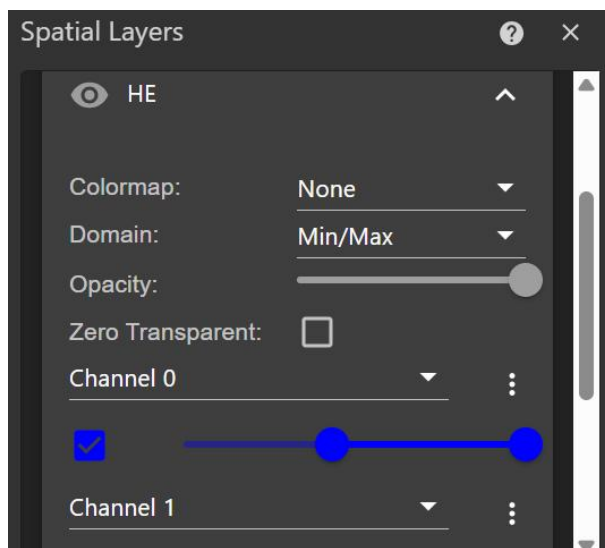
Show Alternate IDs: 是否显示 Alternate ID。

7. HE 图片显示

在 `visual_data` 目录下加入配准后的 HE 图片文件（TIFF 格式），并命名为 `{sample_ID}.ome.tif`。打开 `visual_data` 目录后，可视化软件将自动加载该图片作为子窗口 B 的背景。如下图所示（子窗口 B 坐标范围放大后）：



此时，子窗口 D 将出现调整 HE 显示效果的相关选项：



其中，

Colormap: 是否将 HE 显示为热图（否：None）以及相应的色谱；

Domain: 色谱的范围：Min/Max（根据最小值到最大值调节）/ All（全部），仅 Colormap 设置为非 None 时有效；

Opacity: HE 背景的透明度；

Zero Transparent: 未支持；

Channel x: 是否显示 HE 的通道 x，以及设定数值范围。