

10x Visium 空间转录组报告树状图

目录

目录内容

1.SpaceRanger	Space Ranger 基因定量结果
aggr	aggr (多个样本整合) 结果目录
aggregation.csv	整合时输入的各样本文件信息
aggr_tissue_positions.csv	整合的组织 Spot 坐标信息
analysis	分析结果文件夹
cloupe.cloupe ★	用于 Loupe Browser 可视化和圈区域
filtered_feature_bc_matrix	组织相关 spot 矩阵信息
barcodes.tsv.gz	barcodes 矩阵文件
features.tsv.gz	基因矩阵文件
matrix.mtx.gz	UMI 计数矩阵文件
filtered_feature_bc_matrix.h5	组织相关 Spot 矩阵信息 HDF5 格式
spatial	空间相关信息
sample*	样本名称
scalefactors_json.json	各图像文件与原始无损图像比例系数文件
tissue_hires_image.png	图像的最大尺寸为 2,000 像素
tissue_lowres_image.png	图像的最大尺寸为 600 像素
summary.json	结果汇总 json 文件
web_summary.html	网页版报告
sample*	样本名称 (单个样本)
analysis	分析结果文件夹
cloupe.cloupe	用于 Loupe Browser 可视化和分析 cloupe 文件
filtered_feature_bc_matrix	组织相关 spot 矩阵信息
barcodes.tsv.gz	barcodes 矩阵文件
features.tsv.gz	基因矩阵文件
matrix.mtx.gz	UMI 计数矩阵文件
filtered_feature_bc_matrix.h5	过滤后矩阵文件 HDF5 格式
metrics_summary.csv	结果汇总表格
molecule_info.h5	UMI 信息, aggr 整合数据时用到的文件
probe_set.csv	探针文件 (仅 FFPE 样本或者 Cytassist 处理的冷冻样本)
*.png	报告 png 格式
raw_feature_bc_matrix	所有 spot 的矩阵信息 (组织+背景)
barcodes.tsv.gz	barcodes 矩阵文件
features.tsv.gz	基因矩阵文件
matrix.mtx.gz	UMI 计数矩阵文件
raw_feature_bc_matrix.h5	所有 Spot 矩阵信息 HDF5 格式
spatial	空间相关信息
aligned_fiducials.jpg	对齐基准点 QC 图像
detected_tissue_image.jpg	检测到的组织 QC 图像
cytassist_image.tiff	原始 cytassist 图像 (仅 Cytassist 处理的样

本)

				aligned_tissue_image.jpg	Cytassist 和显微镜图像组织对齐图像 (仅 Cytassist 处理的样本)
				image_*.tiff	原始 HE 染色图像
				scalefactors_json.json	各图像文件与原始无损图像比例系数文件
				spatial_enrichment.csv	基因自动空间相关性分析 csv 文件
				tissue_hires_image.png	图像的最大尺寸为 2,000 像素
				tissue_lowres_image.png	图像的最大尺寸为 600 像素
				tissue_positions.csv	组织 Spot 坐标信息
				web_summary.html	网页版报告
				2.Count_QC	基因定量结果
				*for_nCount_Spatial.pdf	QC nCount_Spatial featureplot pdf 格式
				*for_nCount_Spatial.png	QC nCount_Spatial featureplot png 格式
				*for_nFeature_Spatial.pdf	QC nFeature_Spatial featureplot pdf 格式
				*for_nFeature_Spatial.png	QC nFeature_Spatial featureplot png 格式
				*for_percent.mito.pdf	QC 线粒体比例 featureplot pdf 格式
				*for_percent.mito.png	QC 线粒体比例 featureplot png 格式
				statitics_for_QC.xls	QC 统计表格
				3.Clustering	降维聚类结果
				clusters_infor.csv	Spot 群分类表格
				*Dimension_Reduction_coordination.csv	降维聚类坐标表格
				*groupby_cluster_resolution*_plot.pdf	降维聚类图 pdf 格式
				*groupby_cluster_resolution*_plot.png	降维聚类图 png 格式
				4.Visualize_cluster_by_clusters	分组可视化结果
				clust_cond_freq_info.xls	样本间 Spot 群分布统计表格
				*_contrast_plot.pdf	样本/组间分组展示图 pdf 格式
				*_contrast_plot.png	样本/组间分组展示图 png 格式
				groupby-sampleid*_summary_plot.*	每个样本的各 spot 群的百分比柱状图
				groupby-group*_summary_plot.*	每个组的各 spot 群的百分比柱状图
				groupby-clusters*_summary_plot.*	样本在各 spot 群中百分比柱状图
				groupby-sampleid*_area_plot.*	spot 群在各样本中百分比面积图
				groupby-group*_area_plot.*	spot 群在各组中百分比面积图
				groupby-clusters*_area_plot.*	样本在各 spot 群中百分比面积图
				_groupby-clusters.pdf	降维聚类结果 (包含分面空间信息展示) pdf 格式
				_groupby-clusters.png	降维聚类结果 (包含分面空间信息展示) png 格式
				splitby*_split_plot.pdf	样本/组间降维聚类结果分面展示图 pdf 格式
				splitby*_split_plot.png	样本/组间降维聚类结果分面展示图 png 格式
				5.Marker	Marker 基因鉴定结果
				markers_vis4cluster*	各 cluster top marker 基因可视化文件夹
				*marker_gene_Spatialfeatureplot.pdf	Spatialfeatureplot pdf 格式
				*marker_gene_Spatialfeatureplot.png	Spatialfeatureplot png 格式
				topmarker_gene_violin_plot.pdf	小提琴图 pdf 格式
				topmarker_gene_violin_plot.png	小提琴图 png 格式
				all_markers_for_each_cluster_anno.xls	所有 marker 基因文件

└── top10_markers_for_each_cluster_anno.xls	top10 marker 基因文件
└── topmarker_gene_heatmap.pdf	热图 pdf 格式
└── topmarker_gene_heatmap.png	热图 png 格式
6.Reference_CellType	细胞类型鉴定参考结果
└── 1.celltype_spatialplot	细胞类型空间展示结果
└── └── *spatial_transcriptomics_celltyping*	Spot 位点细胞类型组成饼图
└── └── split_celltype_results	
└── └── └── *for_each_sample*	各样本中不同细胞类型占比空间展示图
└── └── split_sample_results	
└── └── celltype_percent*	各细胞类型在不同样本中占比空间展示图
└── 2.celltype_interaction	Spot 位点细胞类型共定位结果
└── └── all_celltype_interaction*	所有样本 Spot 位点细胞组成情况统计和弦图
└── └── combined*interactions.xls	所有样本 Spot 位点细胞组成情况统计表格
└── └── *-interactions.xls	单样本 Spot 位点细胞组成情况统计表格
└── └── *_celltype_interaction*	单样本 Spot 位点细胞组成情况和弦图
└── 3.celltype_heatmap	Spot 位点细胞类型组成热图展示结果
└── └── combined_*heatmap*	所有样本 Spot 位点细胞类型组成热图
└── └── *-celltype_heatmap*	单样本 Spot 位点细胞类型组成热图
└── 4.top_celltype_spatialplot	Spot 位点占比较高的细胞类型分布
└── └── top1_celltype_spatial_plot*	Spot 位点占比 top1 的细胞类型分布
└── └── top2_celltype_spatial_plot*	Spot 位点占比 top2 的细胞类型分布
└── celltype_infor.csv	各 Spot 位点 top 细胞类型对应表格
└── combined_*celltype.xls	所有样本各 Spot 位点中各细胞类型的占比表格
└── *-celltype.xls	单样本各 Spot 位点中各细胞类型的占比表格
7.Diffexp	差异表达基因分析结果目录
└── diffexp_results_stat.xls	差异分析汇总表格
└── *-all_diffexp_genes_anno.xls	某组差异比较所有差异基因表格
└── *-diff-pvalue-0.05-FC-*_anno.xls	某组差异比较所有显著差异基因表格
8.Enrichment	差异表达基因富集结果
└── background_files	富集分析使用的背景文件
└── GO_enrichment	GO 富集结果
└── └── enrichment_go.xls	GO 富集汇总表格
└── └── group_*	不同组别结果文件夹
└── └── └── enrichment-go-*-Down.xls	差异下调表达基因富集结果表格
└── └── └── enrichment-go-*-Total.circos*	所有差异表达基因富集结果圈图
└── └── └── enrichment-go-*-Total.xls	所有差异表达基因富集结果表格
└── └── └── enrichment-go-*-Up.xls	差异上调表达基因富集结果表格
└── └── └── GO.chord.*.Down.p*	差异下调表达基因 GO 富集 Top10 和弦图
└── └── └── GO.chord.*.Down.xls	差异下调表达基因 GO 富集 Top10 结果表格
└── └── └── GO.chord.*.Total.p*	所有差异表达基因 GO 富集 Top10 和弦图
└── └── └── GO.chord.*.Total.xls	所有差异表达基因 GO 富集 Top10 结果表格
└── └── └── GO.chord.*.Up.p*	差异上调表达基因 GO 富集 Top10 和弦图
└── └── └── GO.chord.*.Up.xls	差异上调表达基因 GO 富集 Top10 结果表格
└── └── └── GO.top.Down.p*	差异下调表达基因 GO 富集分析 Top30 柱状图

			GO.top.Down.xls	差异下调表达基因 GO 富集分析 Top30 结果表格
			GO.top.Total.p*	所有差异表达基因 GO 富集分析 Top30 柱状图
			GO.top.Total.xls	所有差异表达基因 GO 富集分析 Top30 结果表格
			GO.top.Up.p*	差异上调表达基因 GO 富集分析 Top30 柱状图
			GO.top.Up.xls	差异上调表达基因 GO 富集分析 Top30 结果表格
			KEGG_enrichment	KEGG 富集结果
			enrichment_kegg.xls	KEGG 富集汇总表格
			group_*	不同组别结果文件夹
			enrichment-kegg-*-Down.xls	差异下调表达基因富集结果表格
			enrichment-kegg-*-Total.circos.p*	所有差异表达基因富集结果圈图
			enrichment-kegg-*-Total.xls	所有差异表达基因富集结果表格
			enrichment-kegg-*-Up.xls	差异上调表达基因富集结果表格
			KEGG.chord.*.Down.p*	差异下调表达基因 KEGG 富集 Top10 和弦图
			KEGG.chord.*.Down.x*	差异下调表达基因 KEGG 富集 Top10 结果表格
			KEGG.chord.*.Total.p*	所有差异表达基因 KEGG 富集 Top10 和弦图
			KEGG.chord.*.Total.x*	所有差异表达基因 KEGG 富集 Top10 结果表格
			KEGG.chord.*.Up.p*	差异上调表达基因 KEGG 富集 Top10 和弦图
			KEGG.chord.*.Up.xls	差异上调表达基因 KEGG 富集 Top10 结果表格
			KEGG.top.Down.p*	差异下调表达基因 KEGG 富集 Top20 气泡图
			KEGG.top.Down.xls	差异下调表达基因 KEGG 富集 Top20 结果表格
			KEGG.top.Total.p*	所有差异表达基因 KEGG 富集 Top20 气泡图
			KEGG.top.Total.xls	所有差异表达基因 KEGG 富集 Top20 结果表格
			KEGG.top.Up.p*	差异上调表达基因 KEGG 富集 Top20 气泡图
			KEGG.top.Up.xls	差异上调表达基因 KEGG 富集 Top20 结果表格
			9.PPI	蛋白网络互作 (PPI) 结果目录
			string_.new_colors*	上下调 Top25 差异表达基因互作网络图
			string_protein-protein-interaction.p	差异表达基因互作网络图
			string_-top25.tsv	上下调 Top25 差异表达基因互作结果表格
			*string_protein-protein-interaction.tsv	差异表达基因互作结果表格
			_ppi_network	上下调 Top25 差异表达基因互作圆形图
			10.Supplemental_material	
			10x_visium_空间转录组 Loupe-Browser 使用教程.pdf	
			10x_visium_空间转录组常见问题 (FAQ) .pdf	
			10x 欧易生物空间转录组基础分析方法_英文.pdf	
			10x 欧易生物空间转录组基础分析方法_中文.pdf	
			AI 使用说明.html	
			空间转录组项目数据挖掘建议.pdf	
			分析说明.docx	分析说明 Word 版
			分析说明.html	分析说明网页版

说明:

1. 如果只有一个样本, 将没有 aggr 文件夹对应的结果文件。
2. 如果无法做细胞类型鉴定分析, 将没有 Reference_CellType 文件夹对应的结果文件。
3. 如果没有差异比较分组, 将没有 Diffexp, Enrichment, PPI 文件夹对应的结果文件, 如

果差异基因过少，可能没有 **Enrichment**，**PPI** 文件夹对应的结果文件。