

# 空间转录组 Loupe Browser v4.0.0 操作手册



部门：研究合作中心-单细胞研究板块

日期：2020年2月4日

## 目录

- 1 Loupe Browser 下载和安装
- 2 Loupe Browser 视图
- 3 分析内容
  - 3.1 评估已知的marker基因
  - 3.2 在空间视图上探索分群
  - 3.3 鉴定分群的子结构
- 4 数据保存和导出

# 1. Loupe Browser 下载和安装

## Software Downloads



**Space Ranger 1.0.0**  
Spatial Gene Expression Pipeline



**Loupe Browser 4.0.0**  
Interactive Analysis

### Loupe Browser 4.0.0 (December 2, 2019)

Please follow the [install instructions](#) after downloading one of the installers below.

[Read about what's New in Loupe Browser 4.0](#)



Download for Windows

filesize: 656 MB

md5sum: 3862fe52345e1eecd1149c3c08b49a4



Download for macOS

filesize: 702 MB

md5sum: 539a29aa8d233ad03ef4ca6595ba5dae

在10X Genomics 官网下载Loupe Browser 4.0.0

2019年12月2号发布的版本

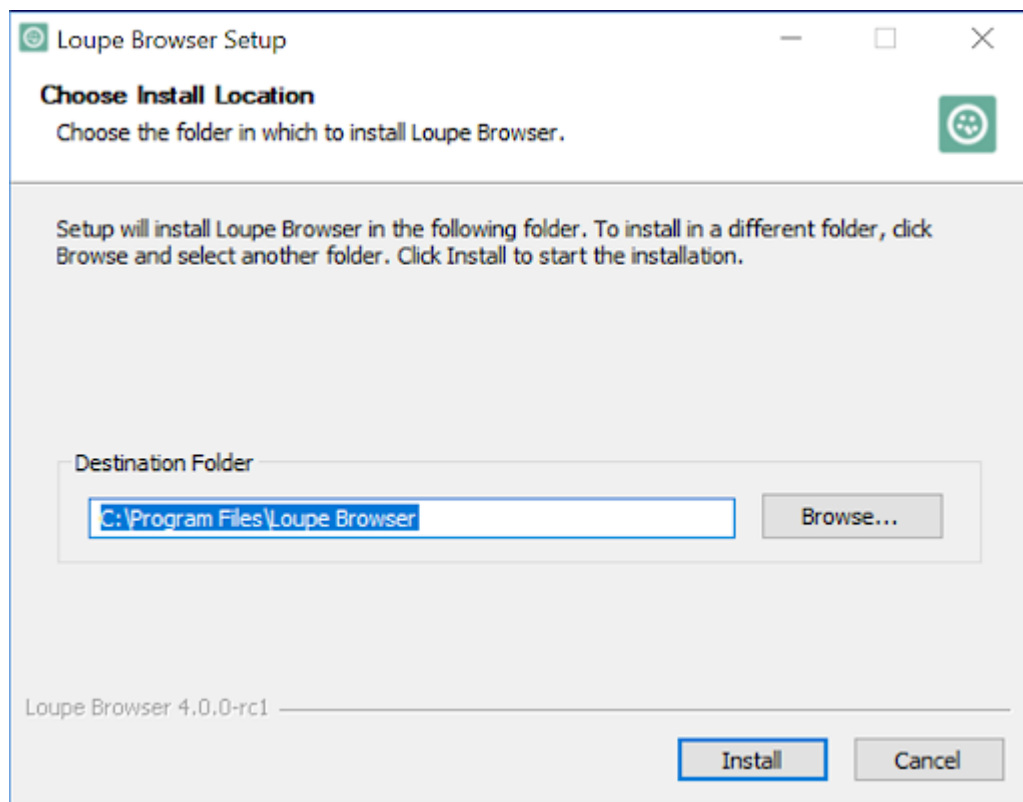
下载链接：

<https://support.10xgenomics.com/spatial-gene-expression/software/downloads/latest#loupe>

# 1. Loupe Browser 下载和安装

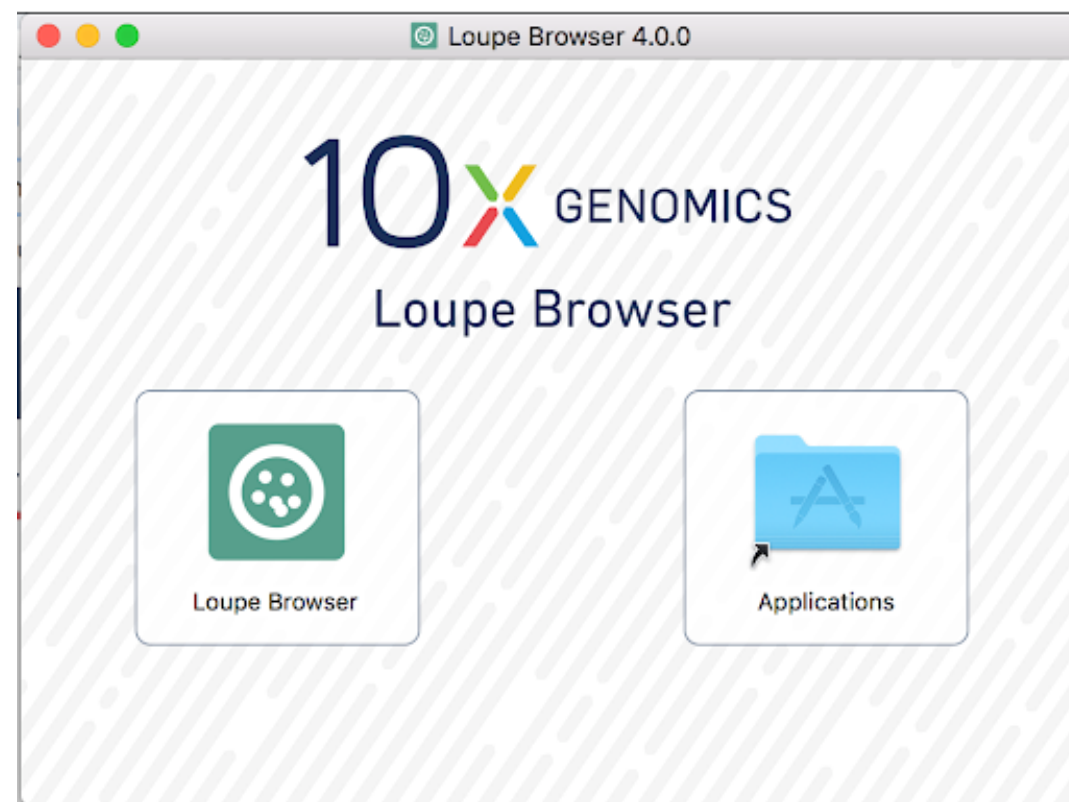
Windows 版安装：

下载.exe文件，双击运行安装程序。



macOS 版安装：

下载.dmg文件，双击打开文件，将图标拖拽到应用“Applications”文件夹以安装Loupe Browser。



官网安装说明：<https://support.10xgenomics.com/spatial-gene-expression/software/visualization/latest/installation>

# 1. Loupe Browser 下载和安装

双击运行Loupe Browser，出现如下视图：

我们以SpatialTutorial 为例学习空间转录组的操作

软件自带了一些教程文件

图像手动比对

打开一个新的.cloupe文件

Type	Name	Cell Count	Last Opened
📁	SpatialTutorial	—	about 10 hours ago
📁	ATACTutorial	5,335	about 10 hours ago
📁	AMLTutorial.cloupe	8,414	about 10 hours ago

Browse for a Loupe Browser File

## 2. Loupe Browser 空间转录组视图 (以小鼠大脑为例)

返回Home界面

10X GENOMICS

Spot Opacity


空间视图设置

鼠标选择器

视图选择器

模式选择器

工具栏



数据面板

Graph-Based: Up-Regulated Genes Per Cluster

Name	Cluster 1	P-Value	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4
Trbc2	3.07	★★★★ 3.27e-36	-0.82	-3.29	-1.93
Neurod6	2.87	★★★★ 6.59e-35	0.43	-0.75	-3.82

Graph-Based

☒ Cluster 1 (418)

☒ Cluster 2 (401)

☒ Cluster 3 (373)

☒ Cluster 4 (325)

☒ Cluster 5 (306)

☒ Cluster 6 (270)

☒ Cluster 7 (265)

☒ Cluster 8 (254)

☒ Cluster 9 (87)

Significant Feature Comparison

Globally Distinguishing

Feature Type

Gene

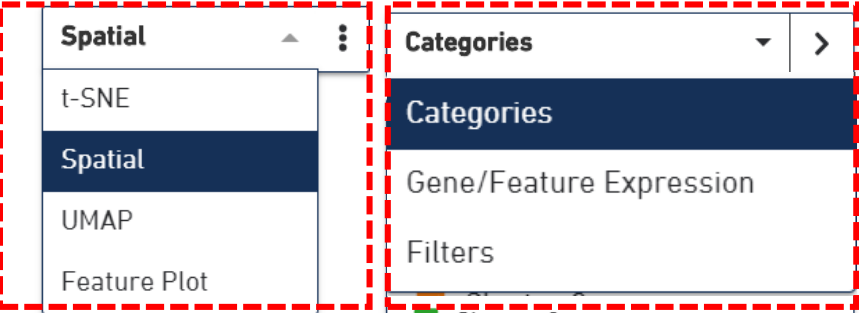
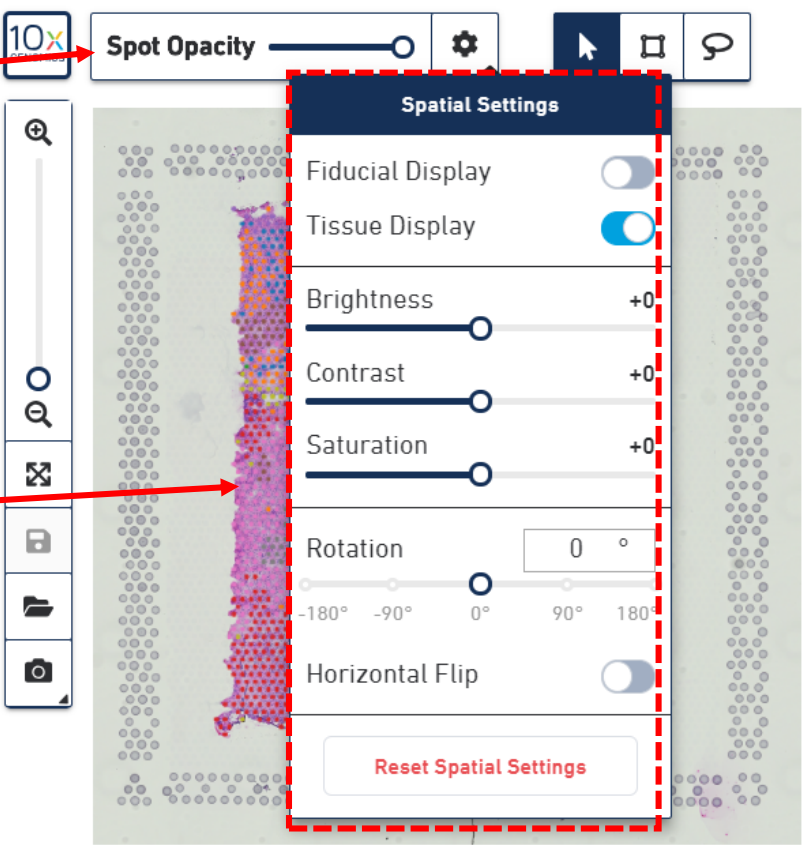
模式面板



## 2. Loupe Browser 空间转录组视图 (以小鼠大脑为例)

滑动改变spot透明度，调到最左侧时显示组织切片的H&E染色图片。

可以选择展示基准框、组织切片，调节图像的亮度、对比度和饱和度，旋转或者水平翻转图像。



除了空间图像还可以展示t-SNE、UMAP等结果

模式选择中有“分类”、“基因/特征表达”以及“过滤器”三个选项。

Graph-Based: Up-Regulated Genes Per Cluster

Name	Cluster 1	P-Value	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4
Trbc2	3.07	★★★★ 3.27e-36	-0.82	-3.29	-1.93
Neurod6	2.87	★★★★ 6.59e-35	0.43	-0.75	-3.82
He3et2					

Significant Feature Comparison

Globally Distinguishing

Feature Type

Gene

# 3.空间转录组Loupe Browser 分析内容

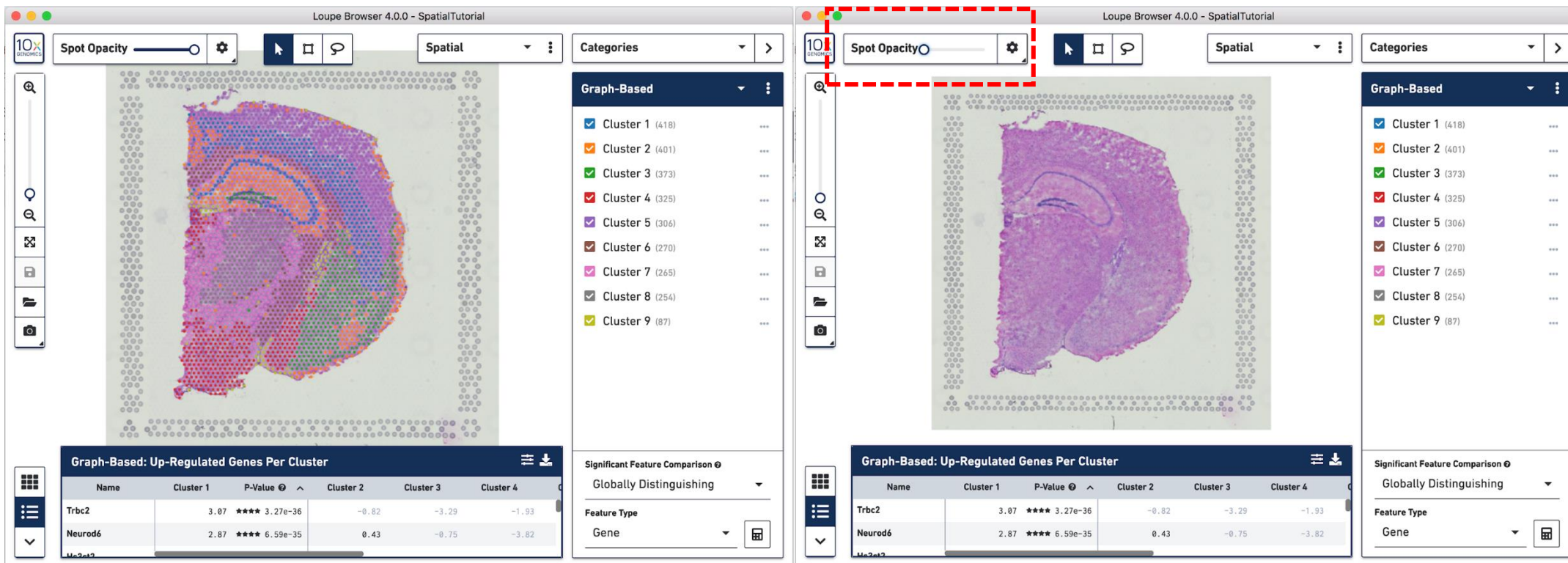
(以小鼠大脑为例)

参考链接: <https://support.10xgenomics.com/spatial-gene-expression/software/visualization/latest/analysis>

## 3.1 评估已知的marker基因

目的: 在组织形态学背景下评估感兴趣的已知marker基因的表达谱。

滑动改变spot透明度, 调到最左侧时显示组织切片的H&E染色图片。





### 3.1 评估已知的marker基因 （以小鼠大脑为例）

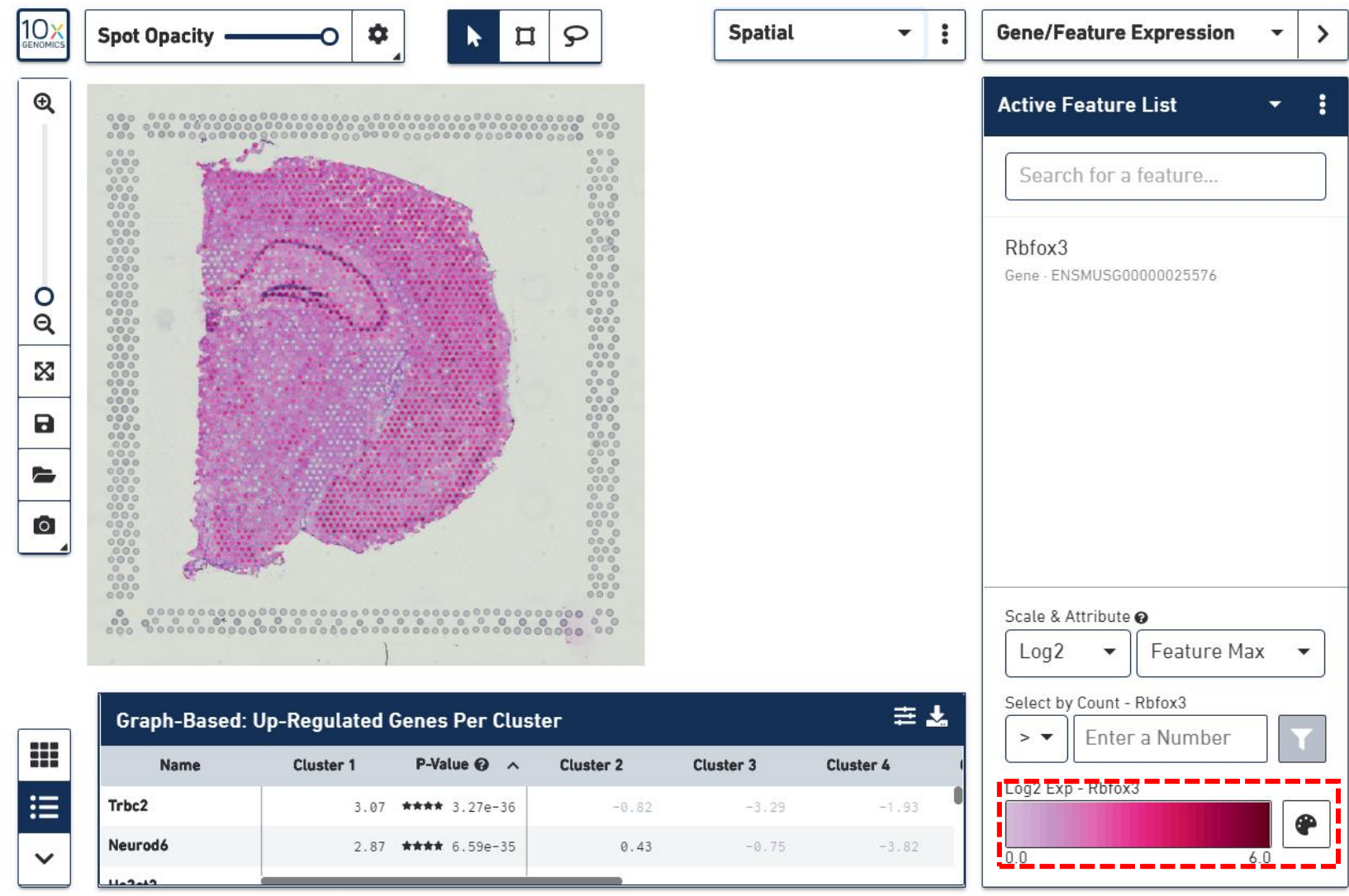
目的：在组织形态学背景下评估感兴趣的已知marker基因的表达谱。

#### 查看单个基因

步骤：

- (1) 选择gene/feature expression模式
- (2) 输入感兴趣基因名

颜色越深代表此位点基因表达越高，浅灰色的位点代表检测不到目的基因的表达。



可调节color-scale

### 3.1 评估已知的marker基因（以小鼠大脑为例）

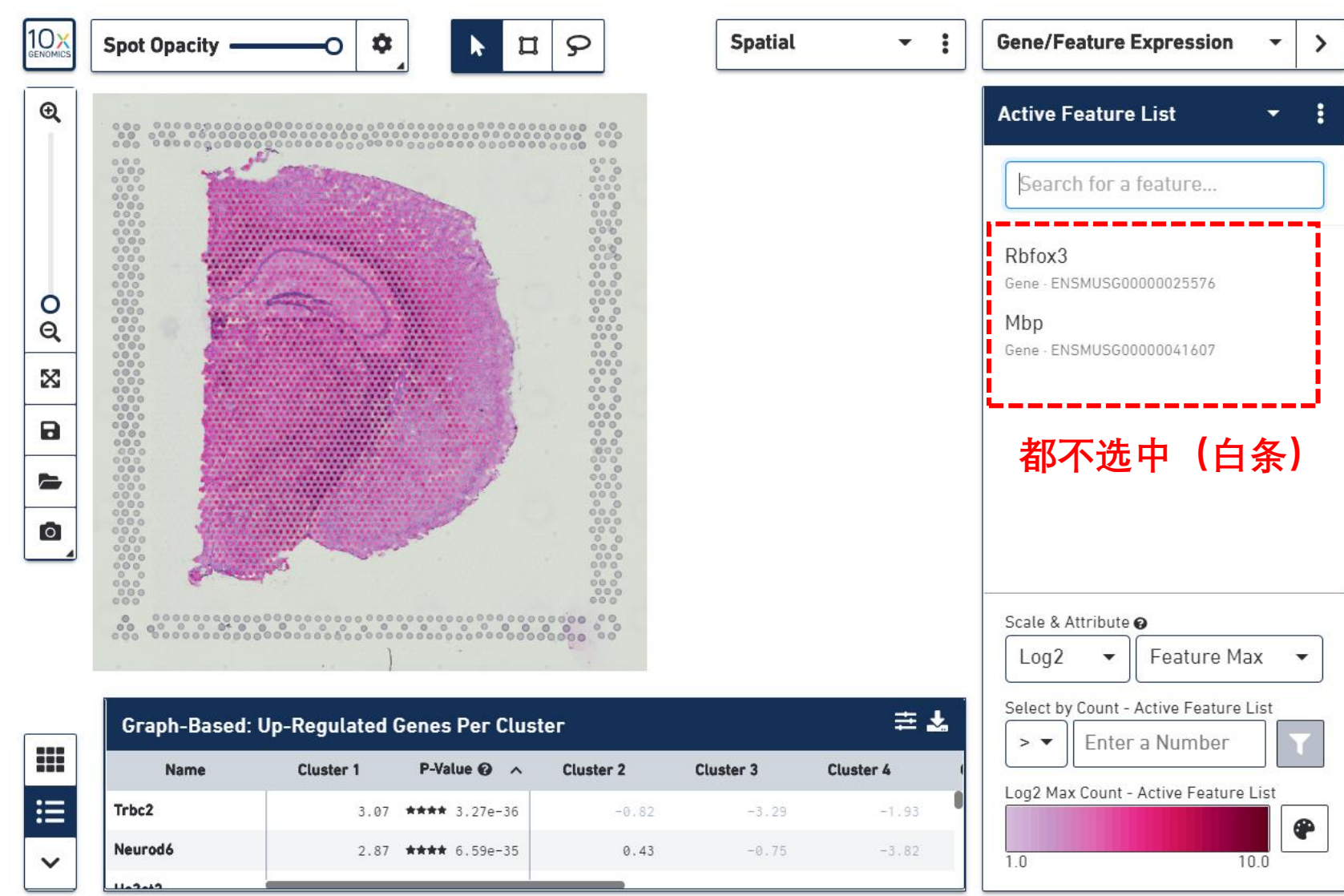
目的：在组织形态学背景下评估感兴趣的已知marker基因的表达谱。

#### 查看多个基因

步骤：

- (1) 选择gene/feature expression模式
- (2) 输入感兴趣基因名

当list中的基因都没有被选中时，  
左侧图像展示的是多个基因综合的  
结果（按照下方的规则）。



### 3.1 评估已知的marker基因（以小鼠大脑为例）

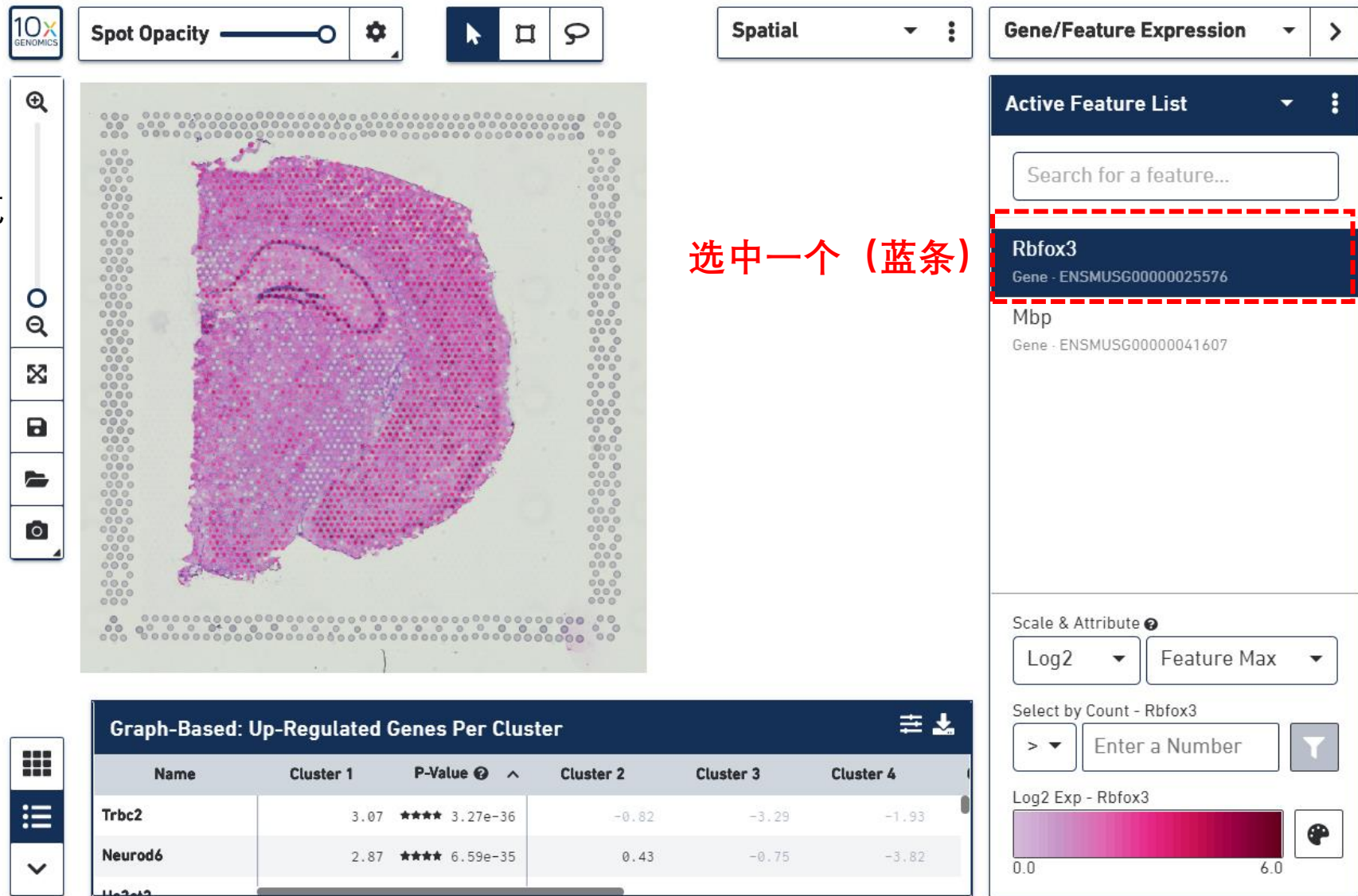
目的：在组织形态学背景下评估感兴趣的已知marker基因的表达谱。

#### 查看多个基因

步骤：

- (1) 选择gene/feature expression模式
- (2) 输入感兴趣基因名

当list中有多个基因，但是选中一个时，左图展示的是单个基因的结果。



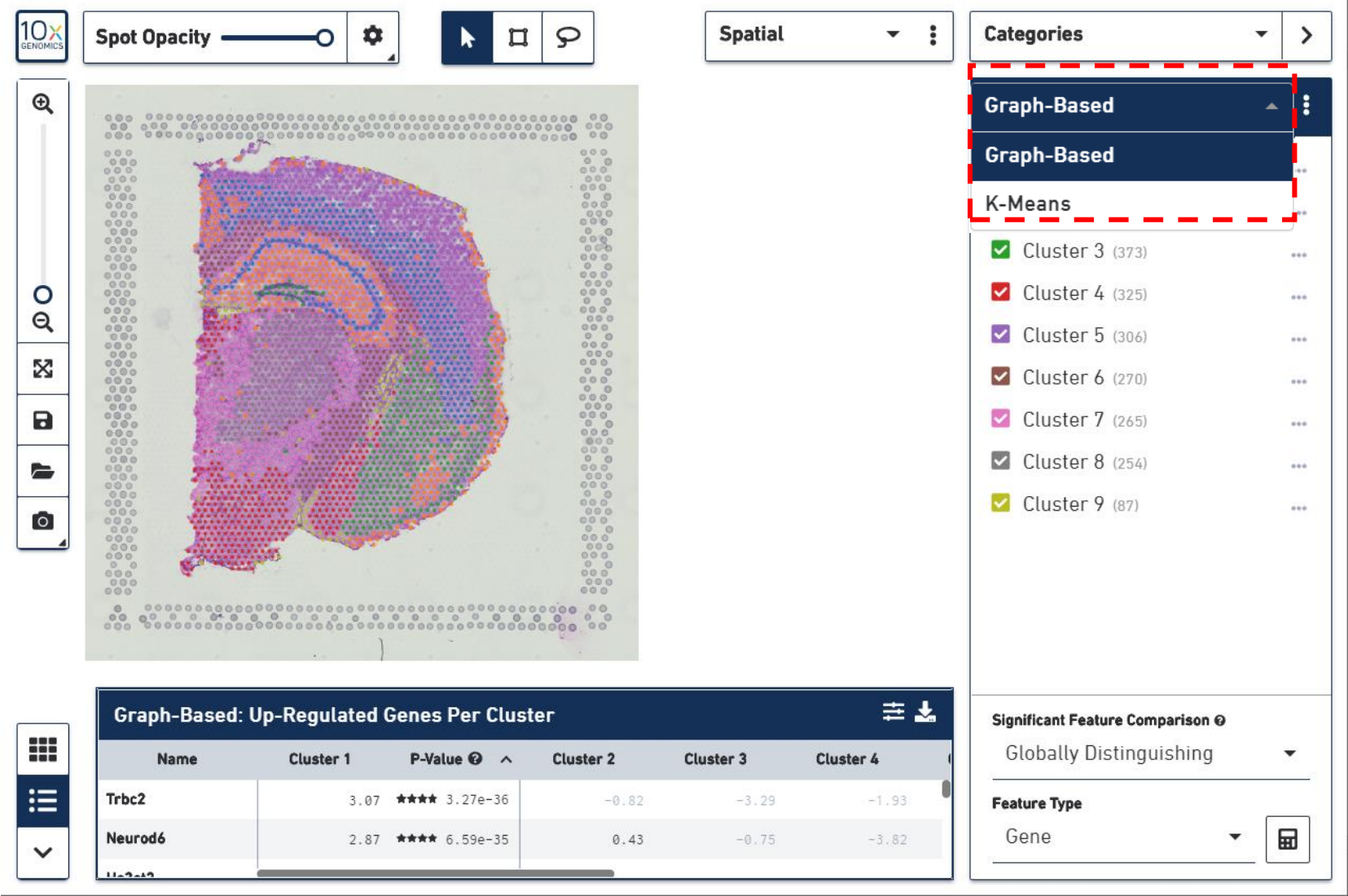
选中一个（蓝条）



# 3.2 在空间视图上探索分群

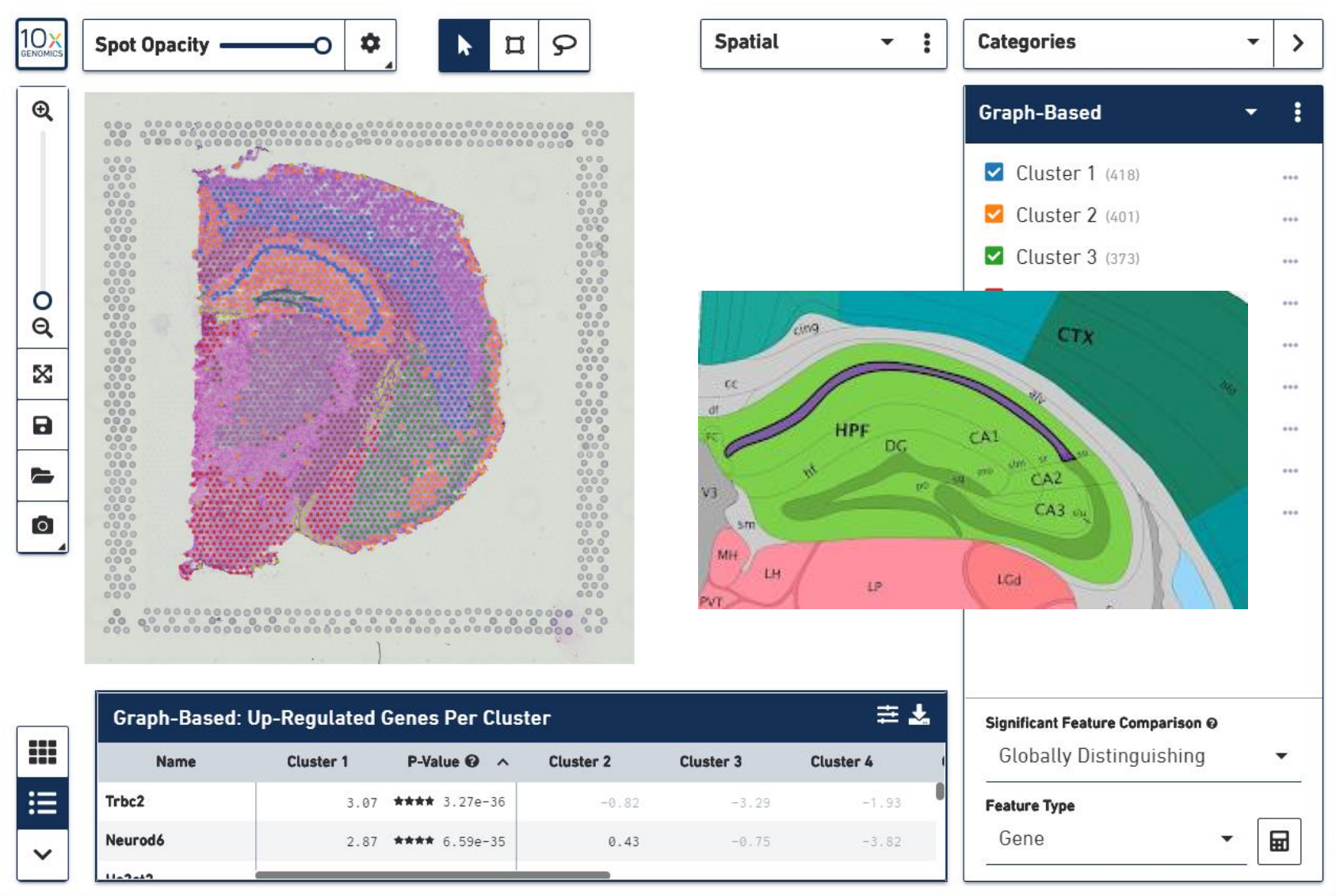
目的：在组织形态学背景下评估图像数据和聚类结果。

在“Categories”模式下，我们可以查看“space ranger”利用Graph-based或者K-Means算法对spots聚类的结果。



### 3.2 在空间视图上探索分群

目的：在组织形态学背景下评估图像数据和聚类结果。



以Cluster 1为例，从左侧的聚类结果中可以看到，cluster 1 (蓝色) 分别位于解剖学上的海马区和部分同形皮质区域。接下来我们利用一些已知的marker 基因对其进行进一步鉴定。



# 结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

步骤:

- (1) 选择gene/feature expression模式;
- (2) 输入/导入已知marker基因列表;
- (3) 根据marker基因的表达分布定义分类。

The screenshot displays the Novogene Genomics interface. At the top, the 'Spatial' tab is selected, and the 'Gene/Feature Expression' mode is active. A red arrow points to the 'Active Feature List' dropdown menu, which is open, showing options: 'New List', 'Edit Name', 'Delete List', 'Import Lists', and 'Export Lists'. Below this, the 'Scale & Attribute' section shows 'Log2' and 'Feature Max' selected. The 'Select by Count - Active Feature List' section has a filter set to '>'. The 'Log2 Max Count - Active Feature List' section shows a color scale from 1.0 to 10.0. The main area shows a spatial map of a brain section with a pink overlay. Below the map, a table titled 'Graph-Based: Up-Regulated Genes Per Cluster' displays data for 'Trbc2' and 'Neurod6' across four clusters.

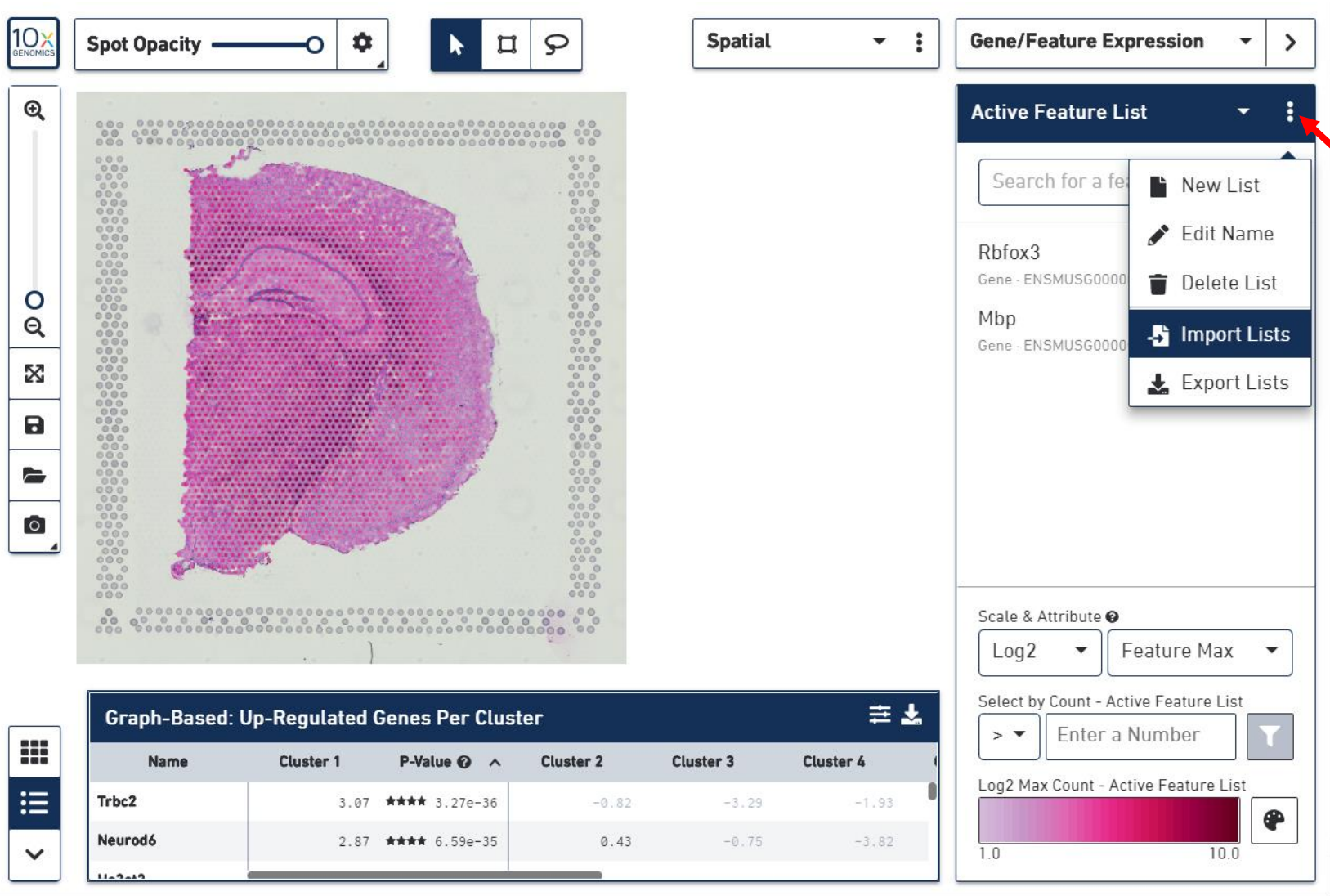
Name	Cluster 1	P-Value	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4
Trbc2	3.07	★★★★ 3.27e-36	-0.82	-3.29	-1.93
Neurod6	2.87	★★★★ 6.59e-35	0.43	-0.75	-3.82

(1) 选择gene/feature expression模式

(2) 导入已知marker基因列表

结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

(1) 选择gene/feature expression模式



(2) 导入已知marker基因列表

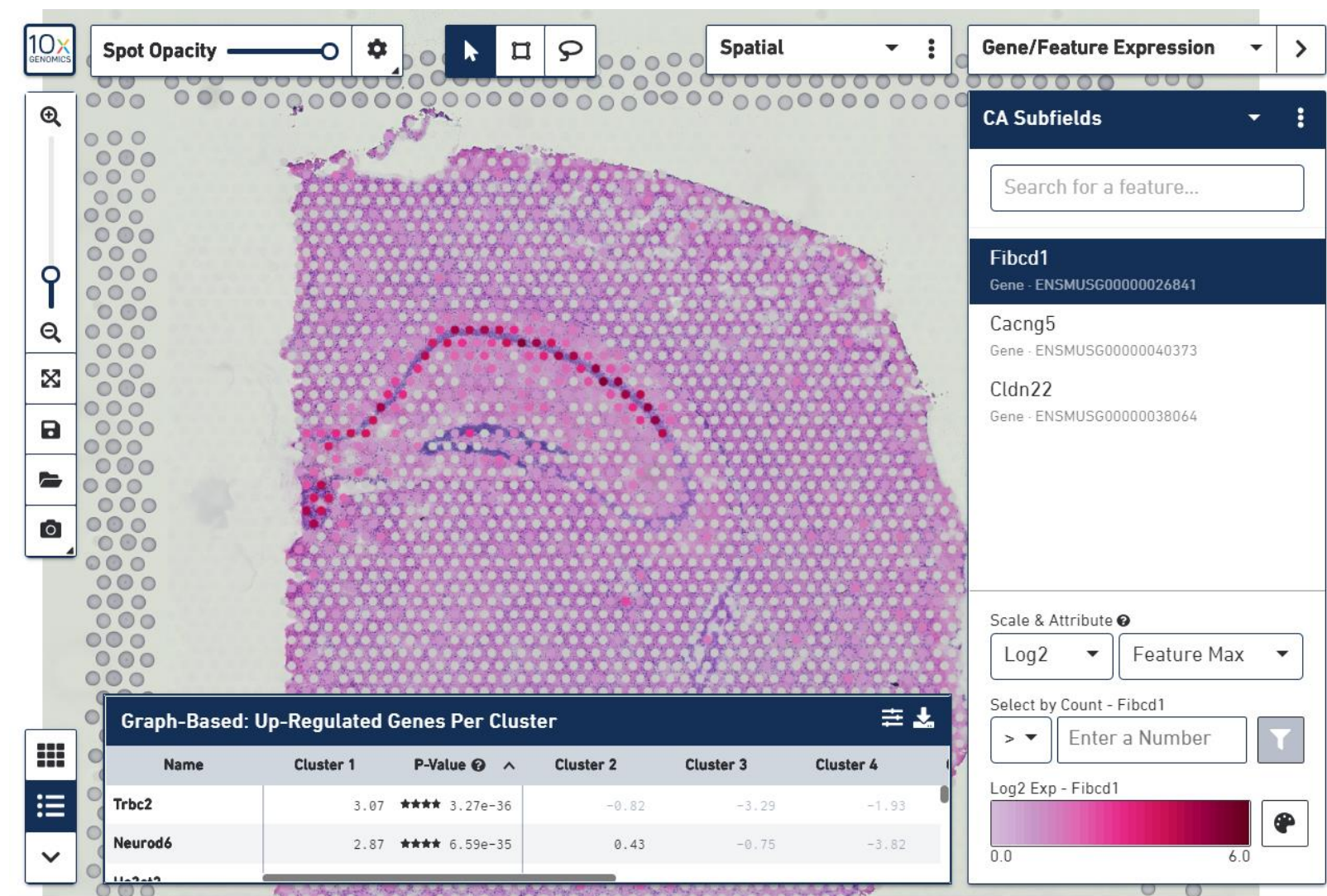
Marker genes list 格式:

	A	B
1	List	Name
2	CA Subfields	Fibcd1
3	CA Subfields	Cacng5
4	CA Subfields	Cldn22
5		



# 结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

## (1) 选择gene/feature expression模式



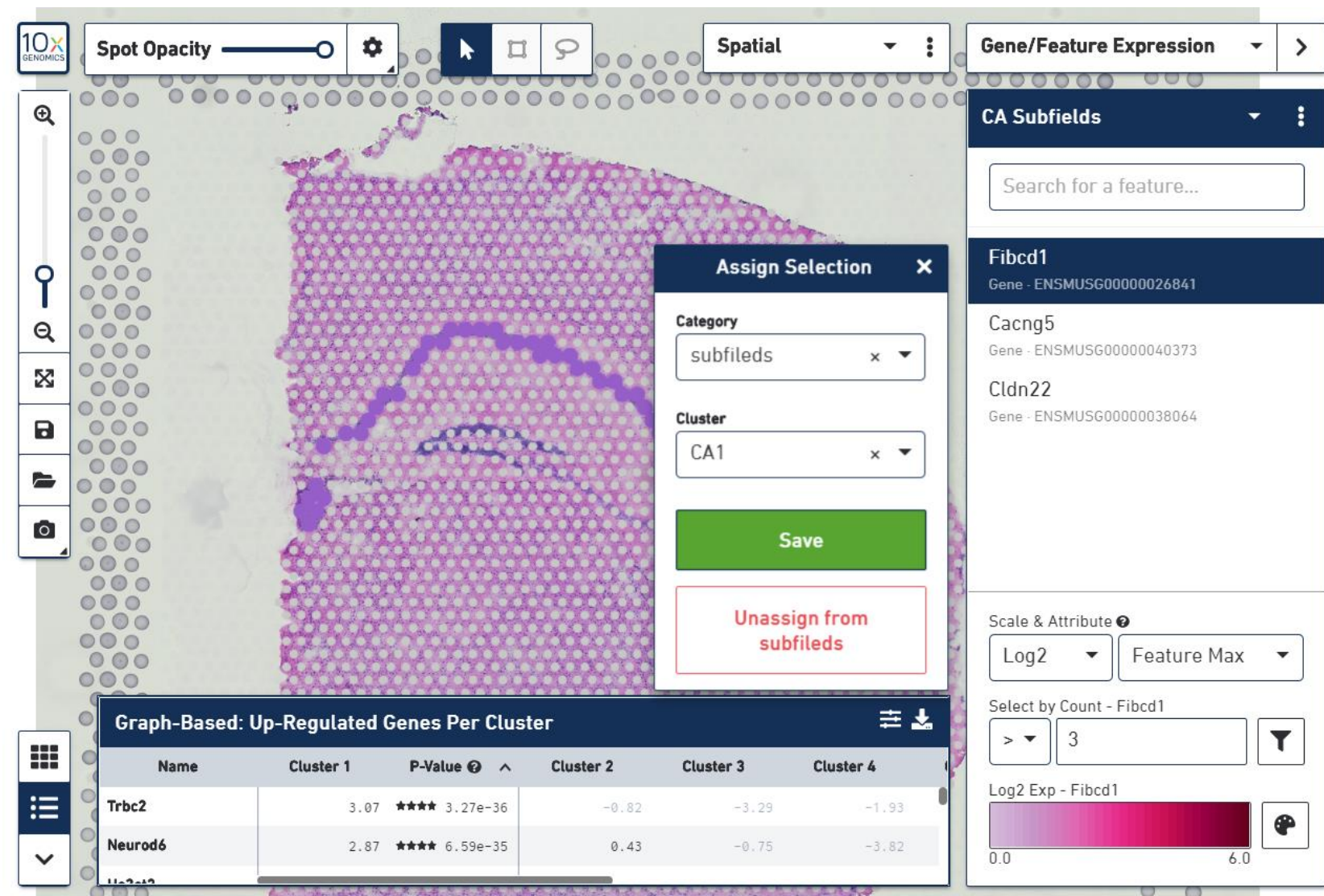
(2) 导入已知marker基因列表

(3) 根据marker基因的表达分布定义分类

Fibcd1是CA1的marker基因，选中Fibcd1，左图展示高表达的spots位于CA1区域和部分缰核。

## 结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

### (3) 根据marker基因的表达分布定义分类

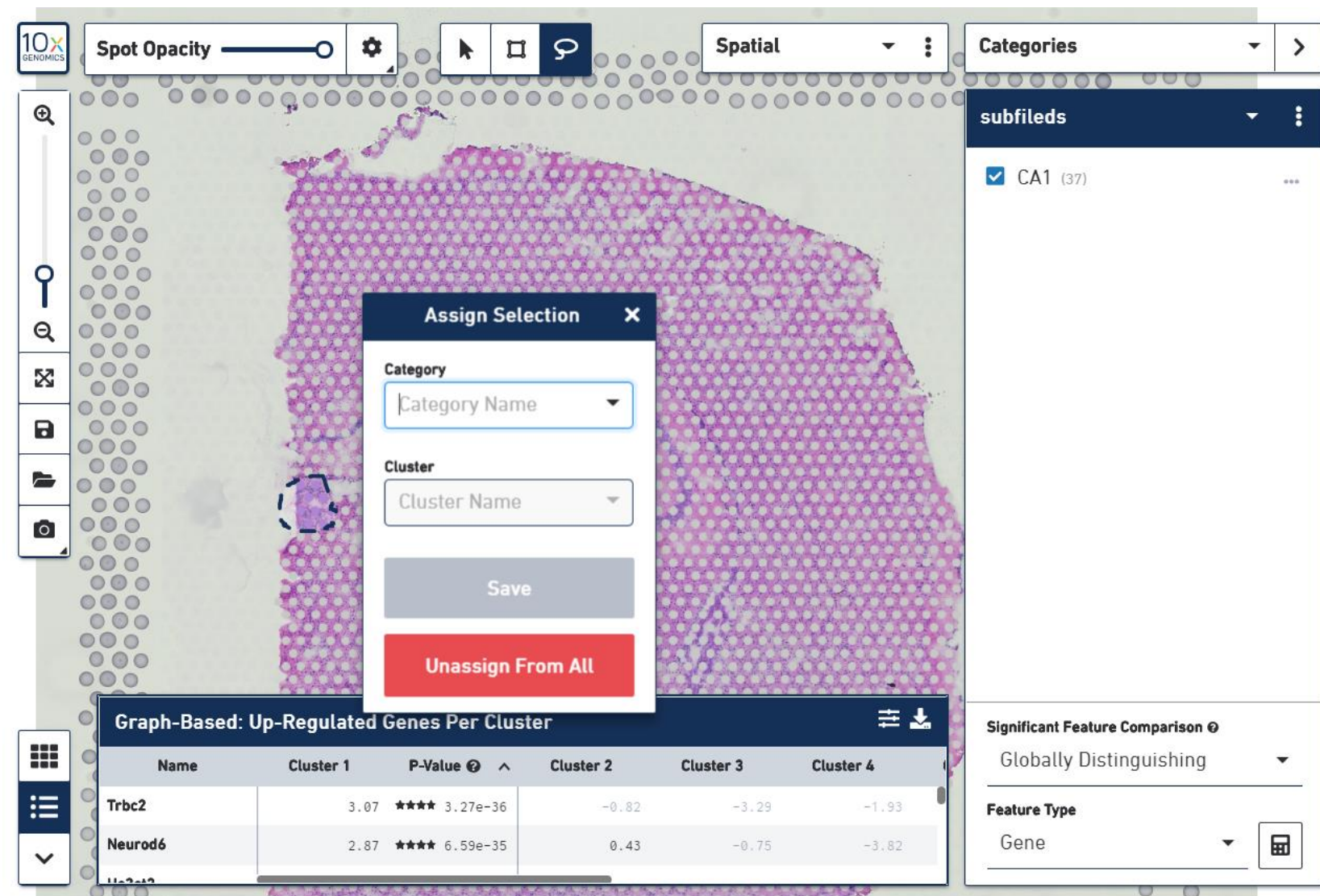


- 选定marker 基因;
- 设定筛选值: Log2、Feature Max、count>3, 点击filter按钮;
- 指定选择: category输入subfileds, Cluster输入CA1, 点击“Save”;



## 结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

### (3) 根据marker基因的表达分布定义分类

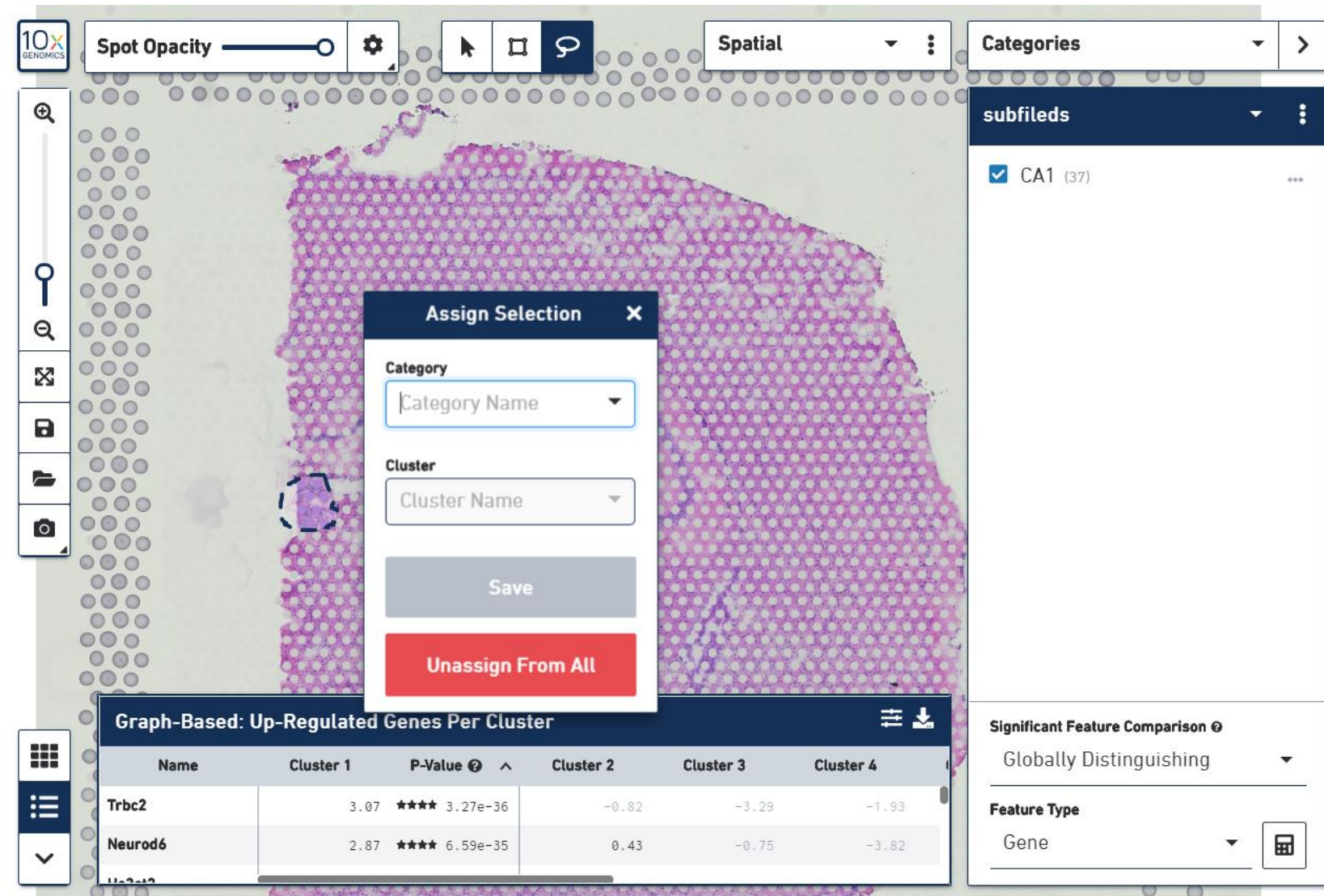


- 选定marker 基因;
- 设定筛选值: Log2、Feature Max、count>3, 点击filter按钮;
- 指定选择: category输入subfiles, Cluster输入CA1, 点击“Save”;
- 页面自动跳转至“Categories”模式。将鼠标调为套索模式, 圈出位于缰核的spots;
- 自动弹出“Assign Selection”选项卡, 点击“Unassign From All”, 将这些spot从CA1中去除。



## 结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

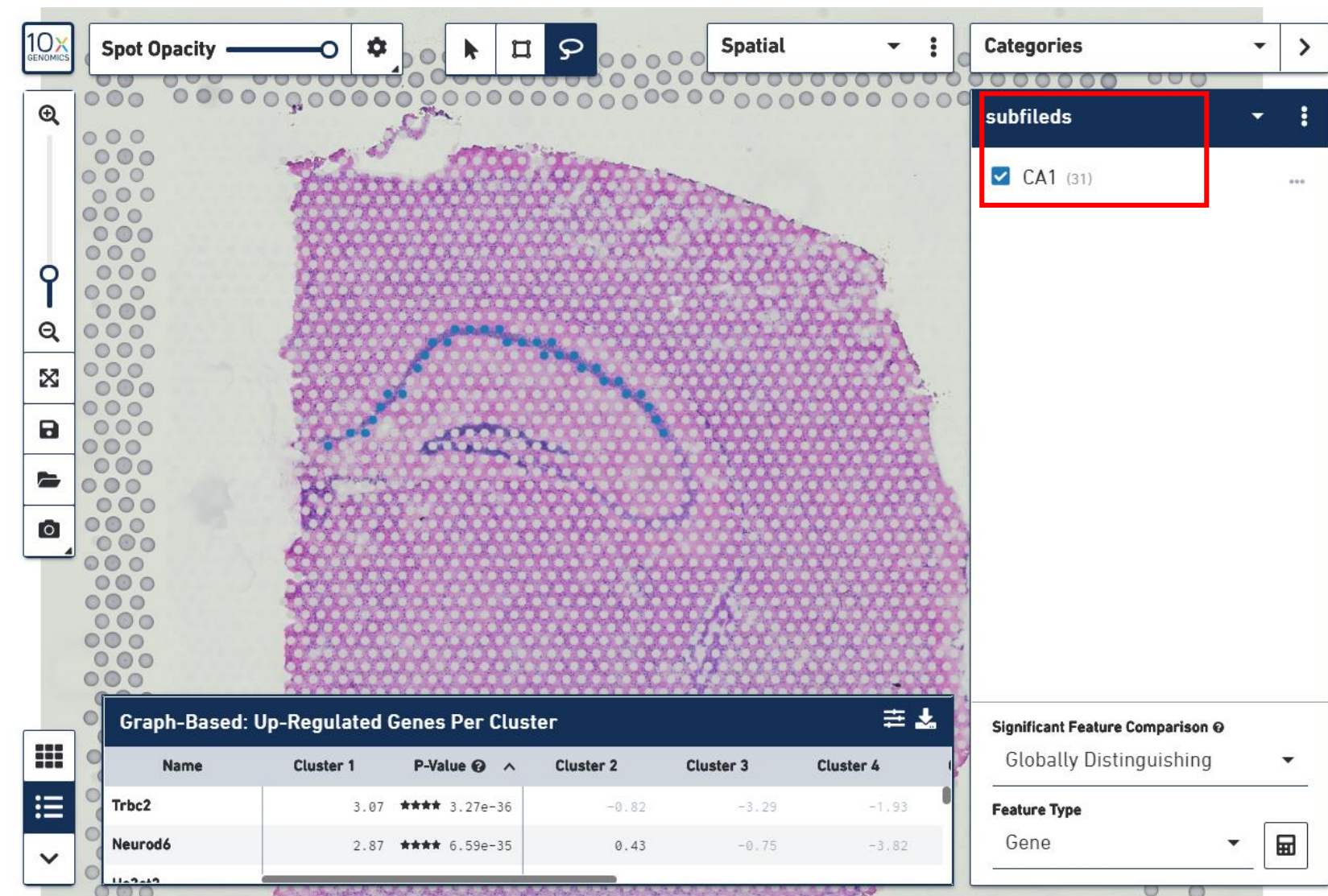
### (3) 根据marker基因的表达分布定义分类



- 选定marker 基因;
- 设定筛选值: Log2、Feature Max、count>3, 点击filter按钮;
- 指定选择: category输入subfiles, Cluster输入CA1, 点击“Save”;
- 页面自动跳转至“Categories”模式。将鼠标调为套索模式, 圈出位于缰核的spots;
- 自动弹出“Assign Selection”选项卡, 点击“Unassign From All”, 将这些spot从CA1中去除;

# 结合组织形态学信息，根据已知marker基因调整聚类结果

## (3) 根据marker基因的表达分布定义分类

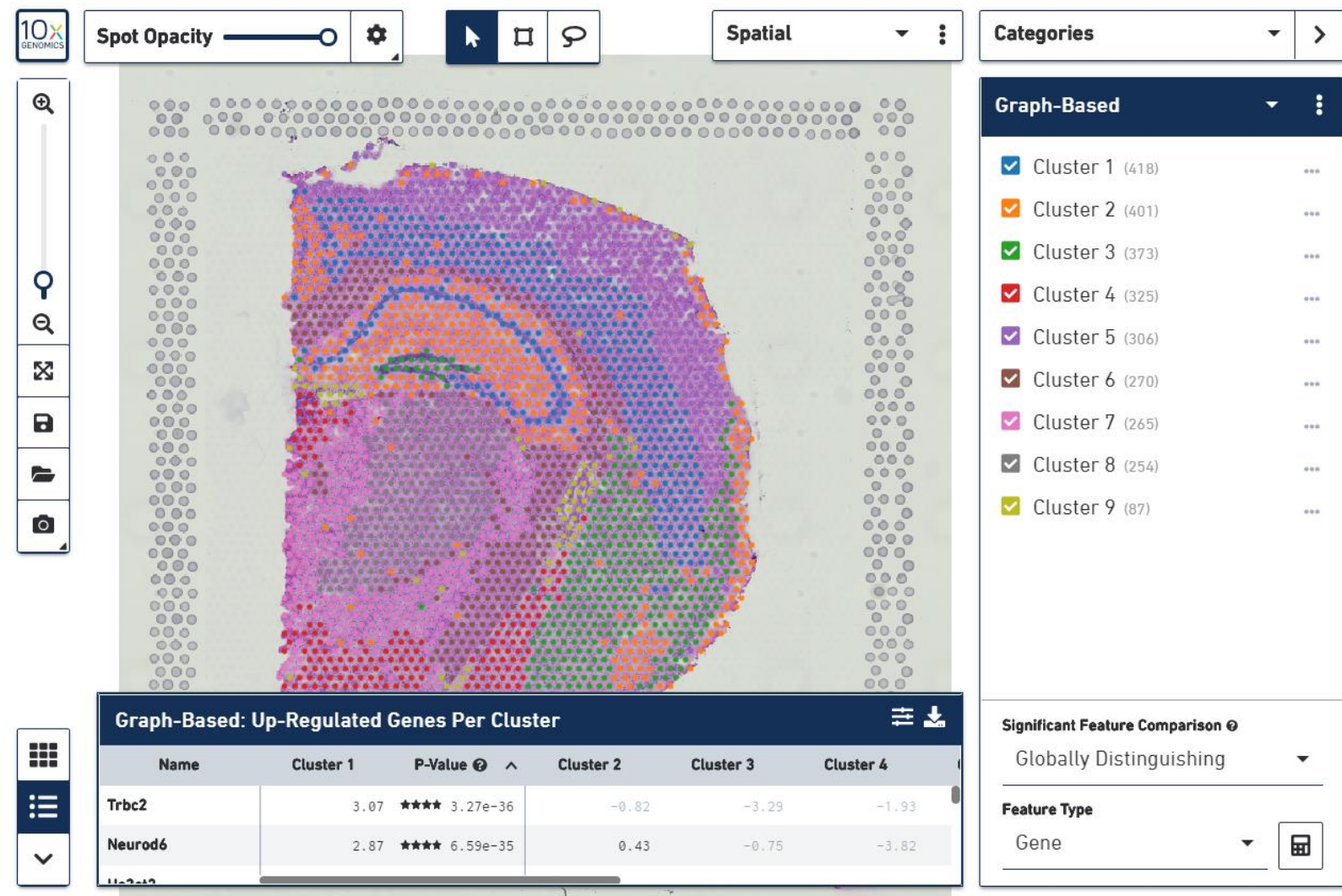


- 选定marker 基因；
- 设定筛选值：Log2、Feature Max、count>3，点击filter按钮；
- 指定选择：category输入subfiles，Cluster输入CA1，点击“Save”；
- 页面自动跳转至“Categories”模式。将鼠标调为套索模式，圈出位于缰核的spots；
- 自动弹出“Assign Selection”选项卡，点击“Unassign From All”，将这些spot从CA1中去除；
- 最终得到较为准确的CA1区域（spot数目从37变为31）。



### 3.3 鉴定分群的子结构

目的：在聚类中寻找子群并进行基因差异表达分析



cluster 1 (蓝色) 分别位于解剖学上的海马区和部分同形皮质区域。

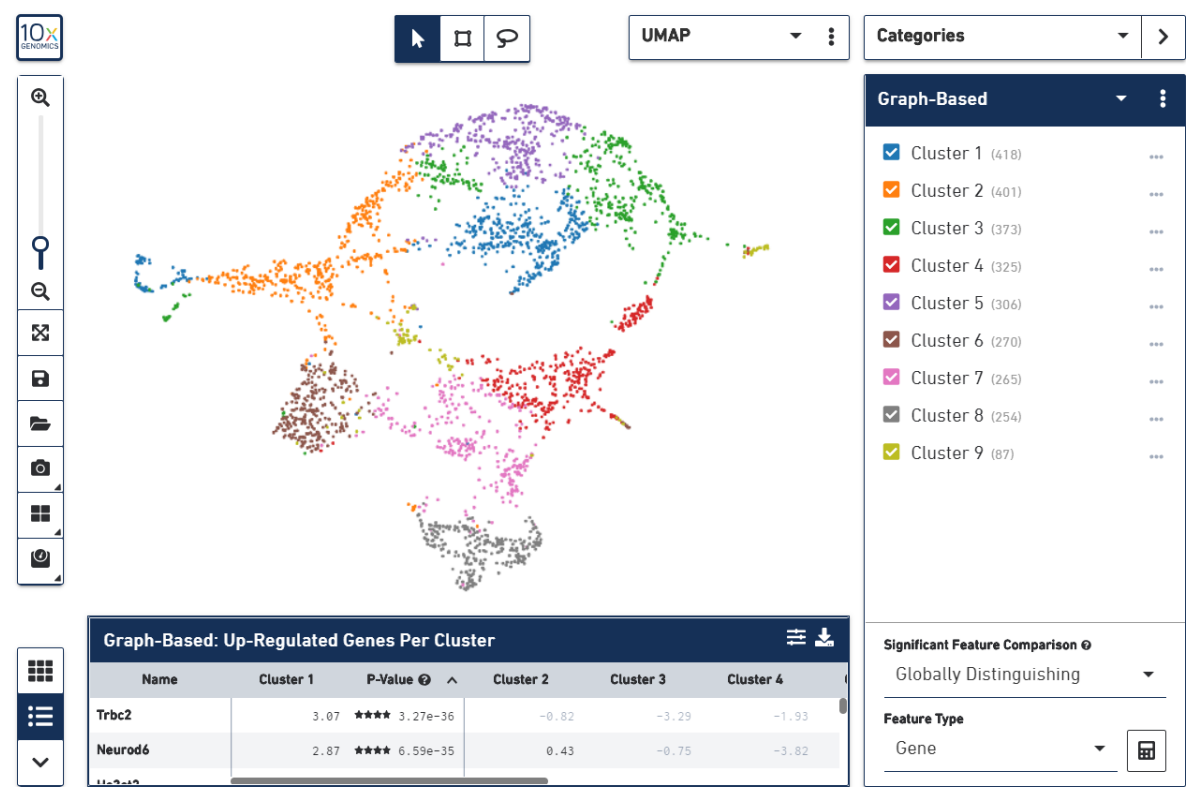
那么是否可以将Cluster 1按照组织空间结构划分成两个子群呢？

### 3.3 鉴定大类中的子群

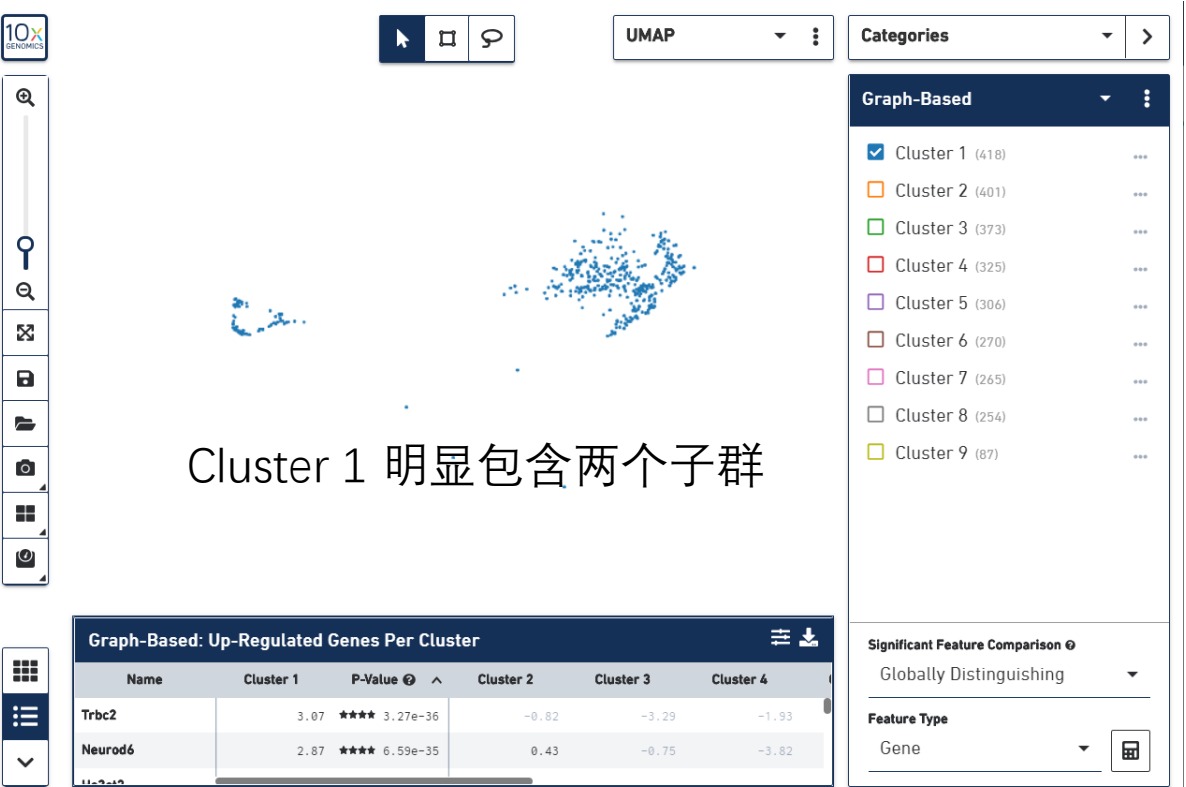
目的：在聚类中寻找子群并进行基因差异表达分析

步骤：(1) 选择UMAP视图; (2) 在Graph-Based结果中只展示Cluster 1的信息; (3) 用套索工具圈出其中一个子群，指定分类为Cluster 1， subcluster A， 点击Save; (4) 在Categories模式下， 选择Graph-Based， 用套索工具圈出另一个子群， 指定分类为Cluster 1， subcluster B， 点击Save; (5) 计算subcluster A和subcluster B的差异表达基因; (6) 在空间视图上评估子群鉴定结果。

(1) 选择UMAP视图



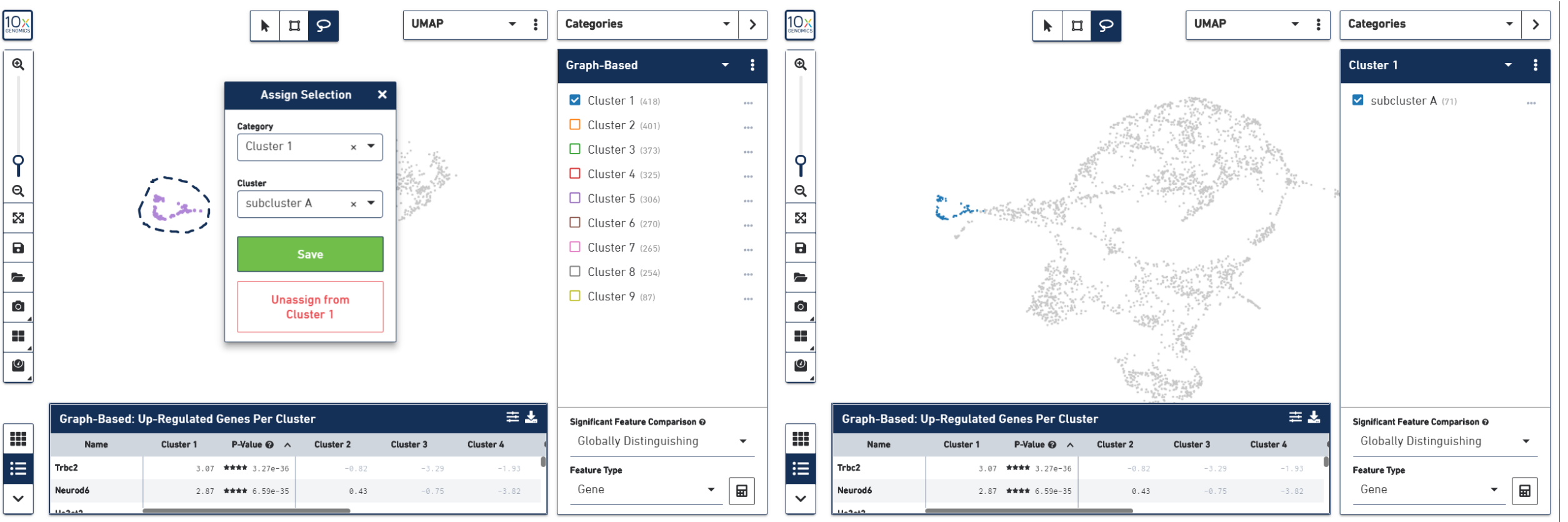
(2) 在Graph-Based结果中只展示Cluster 1的信息



### 3.3 鉴定大类中的子群

目的：在聚类中寻找子群并进行基因差异表达分析

(3) 用套索工具圈出其中一个子群，指定分类为Cluster 1， subcluster A， 点击Save

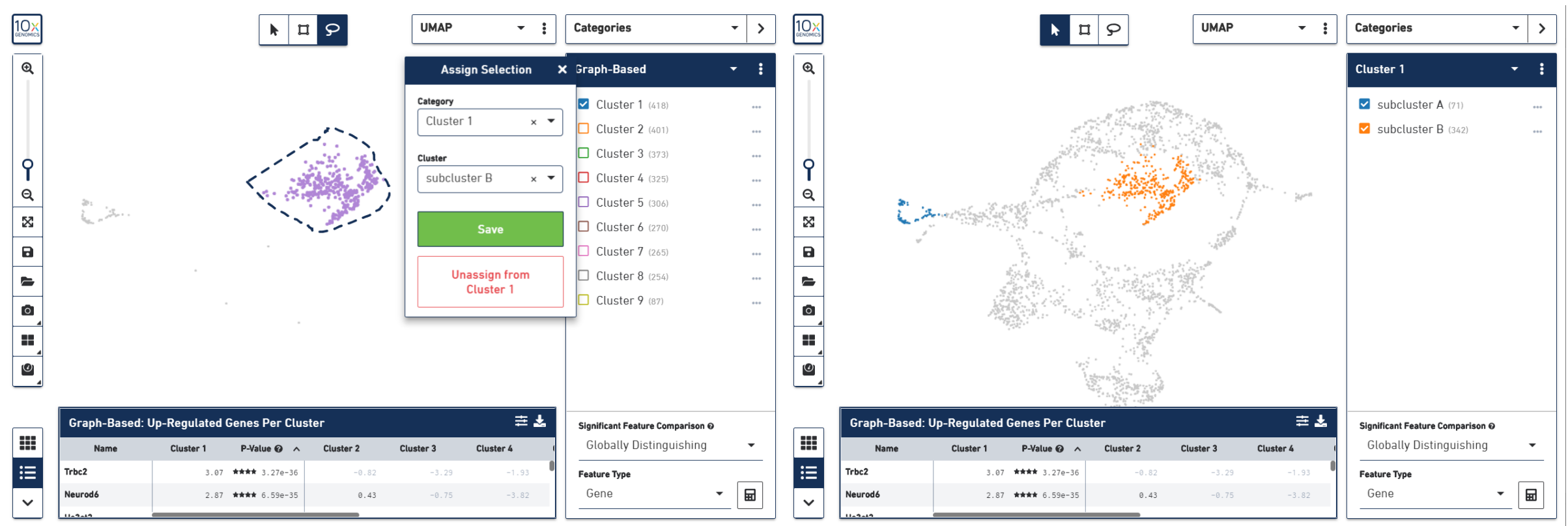




### 3.3 鉴定大类中的子群

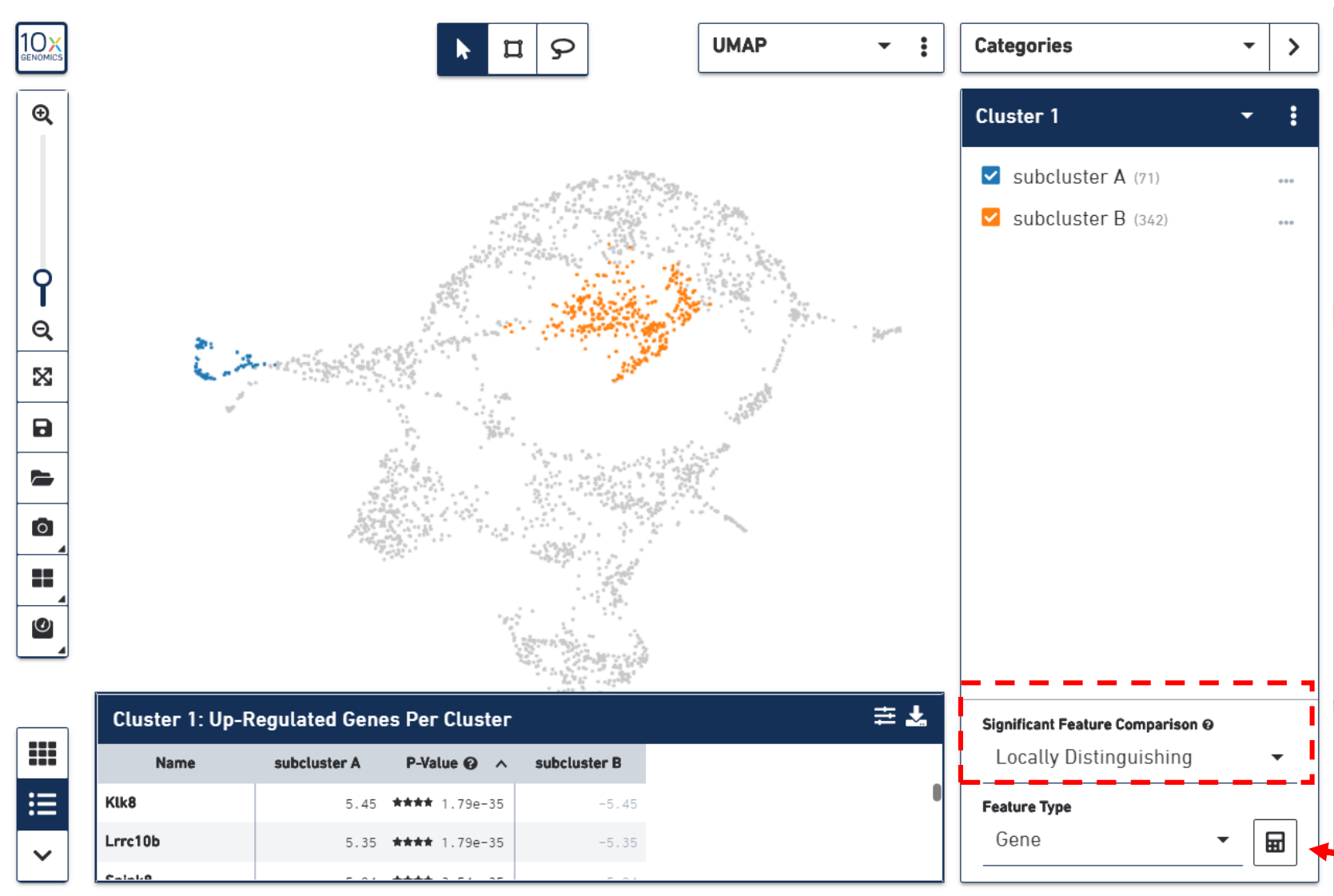
目的：在聚类中寻找子群并进行基因差异表达分析

(4) 在Categories模式下，选择Graph-Based，用套索工具圈出另一个子群，指定分类为Cluster 1， subcluster B， 点击Save；



### 3.3 鉴定大类中的子群

目的：在聚类中寻找子群并进行基因差异表达分析

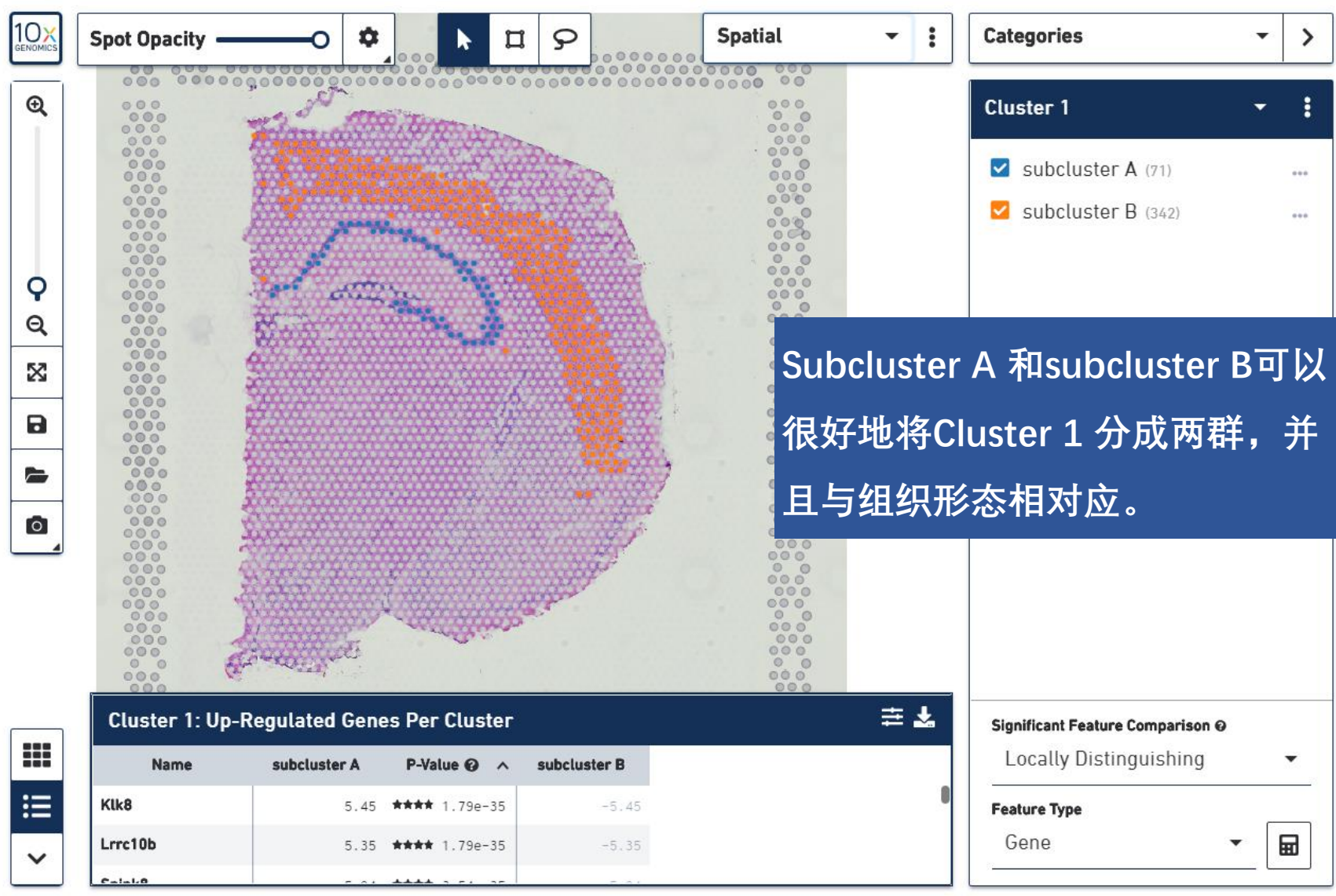


(5) 计算subcluster A和subcluster B的差异表达基因。

选择“Locally Distinguishing”，然后点击计算按钮。

### 3.3 鉴定大类中的子群

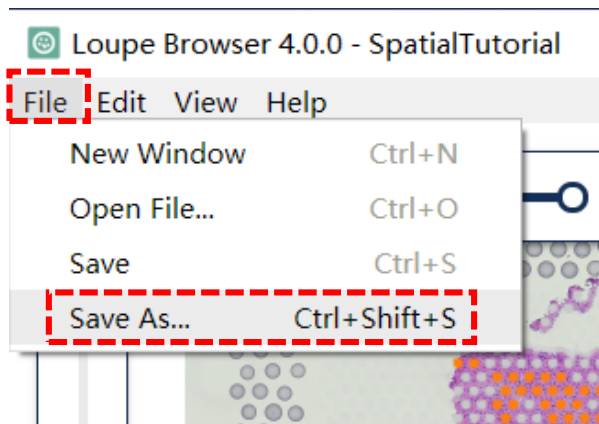
目的：在聚类中寻找子群并进行基因差异表达分析



(6) 在空间视图上评估子群鉴定结果。

## 4 数据保存和导出

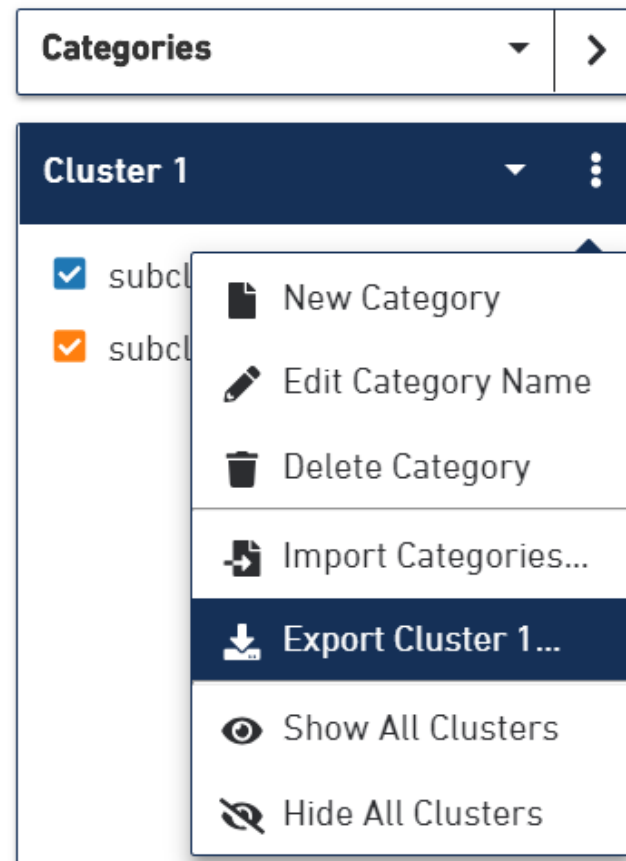
### ➤ 保存.cloupe文件



### ➤ 导出数据或图形

- 重要基因的表格 (to CSV)
- 重要基因的热图 (to PNG)
- 当前屏幕上的图 (to PNG/ SVG)

### ➤ 导入或导出类 (Categories)



# Thank You !

[www.novogene.com](http://www.novogene.com)

