

# StereoMap

---

## 1. Introduction

### 1.1. Description

### 1.2. Resources

#### 1.2.1. Download

## 2. Documents

### 2.1. Datasets

### 2.2. Install

### 2.3. Usage

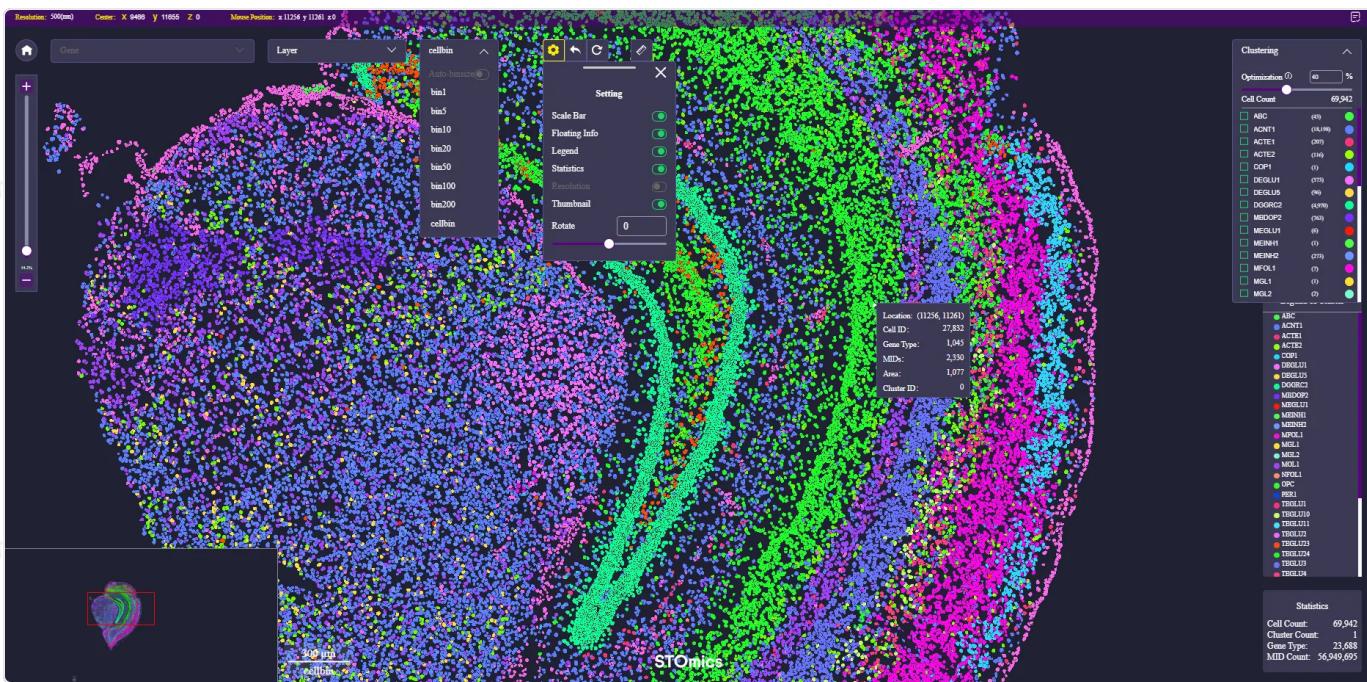
### 2.4. Cases

## 3. References

# 1. Introduction

## 1.1. Description

**StereoMap** 是一个高清的可视化桌面端软件，用来查看 Stereo-seq 数据分析结果。本软件旨在通过可视化形式直观展现华大时空组学技术、产品，并可通过软件内提供的多种工具对时空组学数据进行进一步探索挖掘。



**ImageQC** : STOmics 显微镜 ImageQC 软件是一个为评估显微镜图片质量而设计的桌面应用。荧光图片需要通过 ImageQC 的评估来保证能够满足 SAW 流程分析的要求。运行 SAW >= 5.0.0 版本要求 ImageQC >= 1.1.0，以确保可以提供 IPR 文件来记录图像处理的过程信息。ImageQC 的最后一个更新版本为 v1.2.0，后续不再更新。

**ImageStudio** : ImageStudio 集成 ImageQC 功能的升级版本的图像处理桌面应用，包含图像 QC、手动拼接、手动校准、手动组织分割、手动细胞分割四个主要模块。每个模块对应输出结果均可接入 SAW 进行进一步分析。

**SAW** : Stereo-seq 分析流程软件包 (Stereo-seq Analysis Workflow) 整合多个 Stereo-seq 空间组基因表达分析工具，将 Stereo-seq 原始测序数据转换为具有生物学意义的信息数据。SAW 输出的空间基因表达矩阵是下游生信分析的起始点。流程中输出的 GEF 矩阵、图像 RPI 和 IPR 数据、聚类结果等均可在 StereoMap 中展示。

## 1.2. Resources

### 1.2.1. Download

<https://www.stomics.tech/products/BioinfoTools/OfflineSoftware>

[https://cdn-newfile.stomics.tech/StereoMap\\_3.1.2.zip](https://cdn-newfile.stomics.tech/StereoMap_3.1.2.zip)

## 2. Documents

## 2.1. Datasets

本软件支持读取 GEF、CELLBIN.GEF、RPI 以及 IPR 等文件。点击首页右下角”Open File(s)”或或页面右上角文件读取按钮即可打开文件夹，选择一个或多个文件进行读取。

1. **GEF**: 读取此文件可展示基因/蛋白 binN 下的表达矩阵热图，同类型文件可包含多个。
2. **LABEL.GEF**: 命名格式为<SN>.<label>.label.gef，其中<label>为自定义组织区域名称。展示在 StereoMap 的图层面板中，图层名称为基因/蛋白表达热图\_<label>。同类型文件可包含多个。如：SS200000059\_NC.1234.label.gef 文件，在图层面板中将展示为“基因/蛋白表达热图\_1234”
3. **CELLBIN.GEF**: 读取此文件可展示 cellbin 分辨率下的基因/蛋白的表达矩阵热图或者细胞聚类结果。同类型文件仅能包含一个，比如转录组或者蛋白组。
4. **RPI**: 读取此文件可展示图像图层，如 ssDNA、DAPI、IF、H&E 等。同类型文件仅能包含一个。
5. **FOV\_STITCHED.RPI / FOV\_STITCHED\_TRANSFORMED.RPI**: 为配准前的图像，若使用手动配准工具，须同时读取此文件和 GEF 文件。同类型文件仅能包含一个。
6. **SPATIAL.CLUSTER.H5AD** : 读取此文件可展示 binN 下的聚类和 UMAP 图像。同类型文件可包含多个，但同一 binsize 的转录组/蛋白组的聚类文件仅能包含一个。

说明：

1. v3.0.x 及以后的版本，若是使用开源工具产生的 h5ad 文件比如 Stereopy，Stereopy 需要  $\geq 0.13.0b1$
2. 可视化若要读取开源工具产生的 h5ad 文件比如 Stereopy，Stereopy 的 AnnData 包需要满足  $\leq 0.7.5$
3. IPR: 包含表达矩阵的 track 线模板以及其他图像信息，读取此文件可展示配准模板，以便查看图像是否已同表达矩阵配准。建议搭配 GEF 和 RPI 文件同时打开。同类型文件仅能包含一个。

<https://github.com/BGIResearch/SAW/tree/main/Documents/FileFormat>

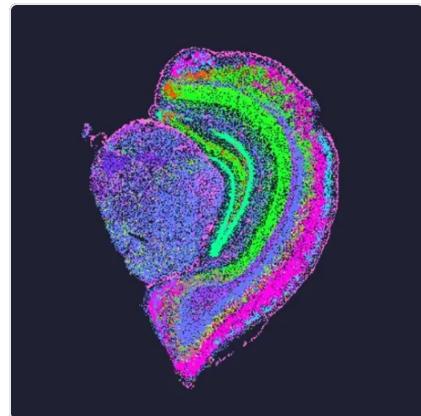
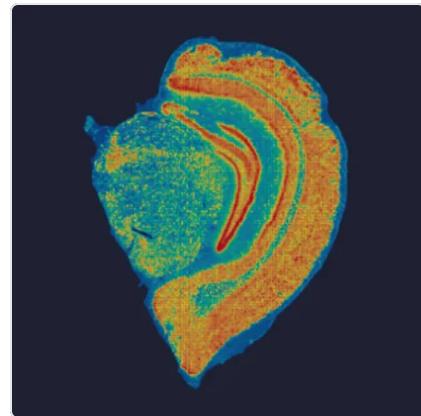
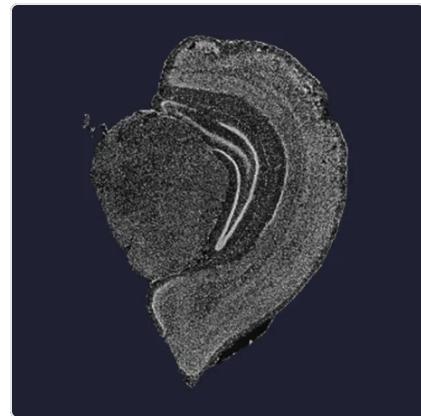
## 2.2. Install

<https://www.stomics.tech/products/BioinfoTools/OfflineSoftware>

[https://cdn-newfile.stomics.tech/StereoMap\\_3.1.2.zip](https://cdn-newfile.stomics.tech/StereoMap_3.1.2.zip)

## 2.3. Usage

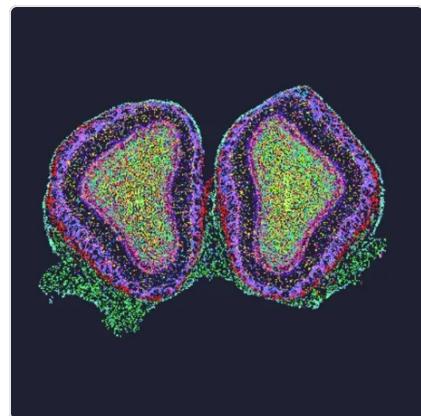
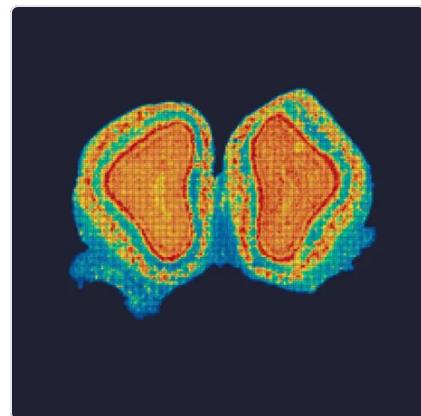
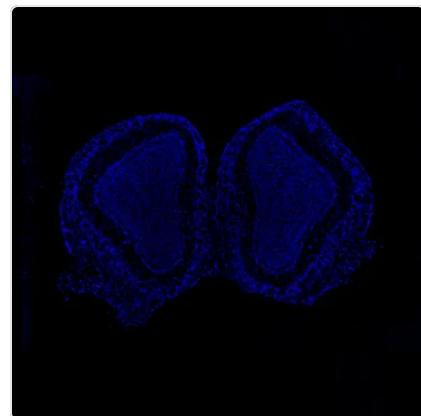
## 2.4. Cases



小鼠鼠脑核酸染色图  
芯片尺寸: 1 cm × 1 cm

小鼠鼠脑空间基因表达量热图  
芯片尺寸: 1 cm × 1 cm

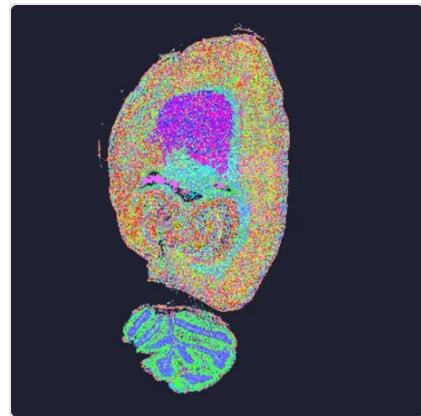
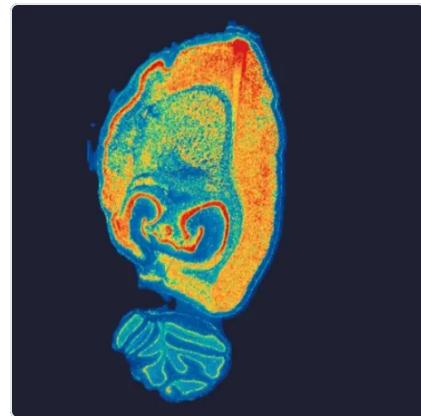
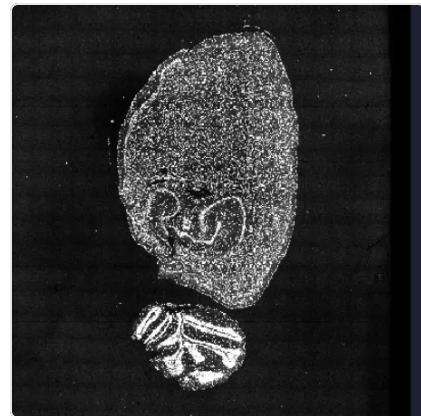
小鼠鼠脑单细胞分辨率聚类结果  
芯片尺寸: 1 cm × 1 cm



小鼠嗅球核酸染色图  
芯片尺寸: 0.5 cm × 0.5 cm

小鼠嗅球空间基因表达量热图  
芯片尺寸: 0.5 cm × 0.5 cm

小鼠嗅球单细胞分辨率聚类结果  
芯片尺寸: 0.5 cm × 0.5 cm



大鼠鼠脑核酸染色图  
芯片尺寸: 2 cm × 3 cm

大鼠鼠脑空间基因表达量热图  
芯片尺寸: 2 cm × 3 cm

大鼠鼠脑单细胞分辨率聚类结果  
芯片尺寸: 2 cm × 3 cm

### **3. References**